

Maertens et al
Appl. No. 08/836,075
Monday, December 12, 2005

AMENDMENTS TO THE DRAWINGS

The attached 74 sheets of drawings includes changes to Figs 1 and 2. These sheets replace the amended sheets of drawings filed May 29, 2003. The attached amended sheets are submitted to correct inconsistencies with the prior applications.

Attachment: 74 Replacement Sheets
74 Annotated Sheet Showing Changes

BEST AVAILABLE COPY

REMARKS

Reconsideration is requested.

Claims 75, 79 and 81-91 are pending. Unamended claim 75 and 79 and claim 81 have been allowed. Claims 75 and 79 have been amended above, without prejudice, as the Examiner is understood to have requested the amendment during the interview, for clarity. Entry of the amendment is not believed to be required and is being made to advance prosecution.

The Examiner interview of December 1, 2005 is acknowledged, with appreciation. The Interview Summary is accurate in its brief description of the issues discussed.

The Examiner is understood to have maintained the Section 112, first paragraph and second paragraph, rejections of claims 82-86 in response to the Amendment of July 11, 2005. As explained to the Examiner during the interview, the claims require, for example, that the amino acid sequence encoded by the at least 12 contiguous nucleotides contain at least one of the recited amino acid residues of an HCV polyprotein. As such, the claims are specific and defined and supported by an adequate written description. Withdrawal of the Section 112 rejections is requested:

The exemplification of genotype/subtype specific amino acids/nucleotides from the specification discussed with the Examiner during the interview is provided in the following discussion and Annexes. The Examiner is requested to contact the undersigned by telephone in the event anything further is required in this regard.

The specification discloses genotype-specific amino acids in HCV amino acid sequences of the invention, see for example, the paragraphs from page 27 line 26 to

page 28 line 11. The specification moreover discloses amino acid sequence regions (more specifically variable regions in the Core and E1 proteins) that are specific to an HCV genotype or subtype, see pages 29-32. The ordinarily skilled person will understand from the disclosure that genotype-specific nucleotides can be determined in the same way as genotype-specific amino acids, as explained in the specification.

As requested by the Examiner during the interview, the applicants provide the following to demonstrate the written description of the present application relating to nucleotide sequences encoding an amino acid sequence comprising at least one genotype-specific amino acid. Moreover, the following analysis also demonstrates how genotype-specific triplet codons (nucleotides) are described in a manner similar to genotype-specific amino acids.

Specifically, the following Table 1 summarizes the demonstrated genotype/subtype specific amino acids/nucleotides with reference also to the following Annexes A-K.

Table 1. Examples of genotype/subtype specific amino acids/nucleotides in different regions of HCV sequences as claimed

Examples					
Region	Genotype	Genotype specific amino acid		Genotype specific triplet codon	
V-Core	1e	Annex A	E68	Annex F	GAG (202-204)
V2-E1	7d	Annex B	N217	Annex G/H	AAT (649-651)
V3-E1	2i	Annex B	W231	Annex H	TGG (691-693)
NS5B	4l	Annex C	L268I	Annex I	TTG (8041-8043)
NS5B	9a	Annex D	F2727	Annex J	TCT (8179-8181)
NS5B	7c	Annex E	D2753	Annex K	GAC (8257-8259)

The following Annexes A-E are annotated copies of pages 45/74 (Core), 49-50/74 (E1) and 69-74/74 (NS5B) of the Figures of the present application. These Figures are alignments of amino acid sequences of the Core, E1 and NS5B regions of

some of the newly identified HCV subtypes of the present invention with known prototype sequences from the corresponding regions. As explained in the specification, amino acids at a certain position representing a specific subtype differing from other amino acids of known or new subtypes at the same position in the alignment are to be considered as genotype-specific amino acids. Vertical lines have been included on the following annotated copies of the Figures to promote reading of the aligned sequences (see also overview in Table 1). The genotype specific amino acid E68 is part of subtype 1e V-core region specified on page 29, line 4 by SEQ ID NO 109; N217 is part of subtype 7d V2-E1 region specified on page 30, line 21 by SEQ ID NO 154; W231 is part of subtype 2I V3-E1 region specified on page 30, line 32 by SEQ ID NO 163. In the same way, 3 examples were taken from NS5B region.

WO 96/13590

PCT/EP95/04155

45/74

ANNEX A

Isolate	Type	SEQ ID	51	60	70	80	90	100
HCV-1	1a		KTTSERSQPRGRQQPIPKARRPEGRTWAQPGYPAPPLYNEGCCWAGWLLSP					
HCV-J	1b				X-X-----	S-----		
BNL1	1d	2				S-----		
BNL2	1d	6		D-----		QSD-XX-----H-----		
CAM1078	(19)	10/60			(19)	S-----		
FR2	1F	12				S-----		
FR16	1g	66				S-----		
HCJ6	2a				S-----	S-----		
HCJB	2b				D-----	ST-KS-GK-----L-----		
CH610	2c				D-----	ST-KS-GK-----L-----		
NE92	2d	14			D-----	TT-KS-GR-----L-----		
BNL3	2e	18			D-----	T-KS-GK-----L-----		
FR4	2f	76			D-----	XAT-----S-GR-----L-----		
FR13	2k	76			D-----	AT-KS-GR-----L-----		
EB1	3a				D-----	XTT-KS-GR-----L-----		
NZL1	3a				S-----	S-----		
HCV-TR	3b				S-----	S-----		
GB358	4c				KQ-HL-----	SR-----S-----K-----L-----		
DK13	4d				S-----	S-----		
CAM600	4e				QL-----	S-----		
GBB09	4e				T-----	S-----		
BNL7	4k	28			S-----	S-----		
HPCCOREZA	4?				S-----	S-----		
HPCCOREZB	4?				S-----	S-----		
HPCCOREZC	4?				S-----	S-----		
GB724	4?				S-----	S-----		
BE95	5a				S-----	S-----		
HK2	6a				Q-T-----S-G-----A-----L-----			
VN13	7a	36			Q-----Q-----H-----			
VN4	7c	34			V-----HQT-----			
VN12	7d	38			V-----HOT-----			
FR1	9a	32			V-----QNO-----			
NE98	10a	50			V-----Q-T-----S-G-----			
FR19	11a	104			S-----R-----T-----S-----TT-----			

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

ANNEX B

Isolate	Type	SEQ ID	V1	110		120		130		140		V4
				201	V2	250	V3					
HCV-1	1a		YHVNINDC2PSSIVYEAHDALILHPTCCVPOIEGNAASRCMVAVIPVVAERD									S-F-----L-L-A-N
HCV-J	1b		-----S-----M-X-----									D-HL---M-L---L-VKX
BNL1	1d	4	-----S-----I-MGGM-X-Y-----									N-S-----MXL---L-VK-
BNL2	1d	8	---L-----S-----I-MGGM-X-A-----									I-----PL---L-A-I
FR2	1f	12	-----S-G-----I-----X-----I-----									
HC-J6	2a		-----M-----T-D-----TRQLCR-V-V-----									H-V-----IPVS-N-VQQ
HC-J8	2b		-----Y-A-----S-N-----TRQCR-V-L-----									HMDNGTLH-----IQV-N-VRH
CH610	2c		-----M-----S-----WQIIG-V-----									-----IPVS-N-I-Q
SB3	2c		-----M-----S-----WQIIG-V-----									-----PVA-NL-ISQ
NE92	2d		-----M-----Q-----WQIN-V-V-----									-----IPVS-NI-VSQ
BNL3	2e	15	-----M-----S-N-----WQIN-V-V-----									-----IPVS-NI-VSQ
FR4	2e	18	-----M-----A-D-----WQIN-V-V-----									-----IPVS-NI-VSQ
BNL4	2g	20	-----M-----S-N-----IPQGQ-V-V-----									-----IPVS-NI-VSQ
BNL5	2h	24	-----M-----S-----WQIN-V-V-----									-----IPVS-NI-VSQ
BNL6	2h	26	-----M-----S-----WQIIG-V-V-----									-----IPVS-NI-VSQ
FR13	2z	76	-----M-----S-X-----TRQCR-V-V-----									-----IPV-X-KVSR
BR36	3a		-----V-L-----S-----V-----I-----									-----T-T-----TPV-----VRY
BNL7	3b		-----V-L-----S-G-----V-----I-----									-----T-Q-S-----TTVST-----V-T
HC4	4a		-----I-----T-----L-----I-----									-----TPV-----VAH
GB809-4	4a		-----I-----V-----T-----N-----L-----									-----TPV-----AVS
21	4b		-----T-----T-----T-----M-----L-----									-----PL-----APY
GB116	4c		-----I-----T-----H-----L-----I-----									-----V-----L-----APY
GB213	4c		-----I-----T-----H-----L-----I-----									-----V-----L-----APY
GB358	4c		-----I-----T-----H-----L-----I-----									-----V-----L-----APY
DK13	4d		-----T-----V-----L-----I-----									-----K-T-----SL-----AQH
CAM600	4e		-----I-----A-----T-----H-----L-----									-----I-----L-----SPY
GB809-2	4e		-----I-----A-----T-----H-----L-----									-----I-----L-----SPY
CAMG22	4f		-----I-----P-----H-----L-----									-----I-----L-----APY
CAMG27	4f		-----I-----P-----H-----L-----									-----I-----L-----APH
GR549	4g		-----T-----H-----M-----L-----									-----T-----PL-----APY
GB436	4h		-----T-----H-----M-----L-----									-----T-----PL-----APY
BNL7	4k	30	-----Y-----T-----H-----L-----									-----O-----L-----APY
BNL8	4k	32	-----T-----H-----L-----I-----									-----O-----L-----APY
BNL9	4k	34	-----I-----T-----H-----L-----									-----V-----O-----L-----I-----APY
BNL10	4k	36	-----T-----H-----L-----I-----									-----V-----O-----L-----APY
BNL11	4k	38	-----T-----H-----L-----I-----									-----E-----H-----L-----APY
BNL12	41	40	-----S-----H-----N-----L-----									-----T-----I-----API
GB724	4k		-----I-----V-----T-----H-----L-----									-----T-----V-----IPV-----AVS
BE85	5a		-----T-----H-----N-----A-----									-----T-----V-----QI-----LSAPs
BE100	5a		-----T-----L-----A-----									-----T-----V-----QI-----LSAPs
HK2	6a		-----L-----T-----H-----L-----L-----									-----VDD-----T-----H-----V-----L-----IPN
VN4	7c	44	-----L-----T-----H-----L-----L-----									-----PDX-----Q-----QAS-----L-----VPN
VN12	7d	48	-----L-----T-----H-----L-----L-----									-----T-----LTK-----LSAS-----L-----VQN
FR1	9a	42	-----L-----S-----N-----F-----T-----H-----L-----									-----E-----L-----IPVS-----L-----VPN
NE98	10a	52	-----M-----S-----G-----C-----I-----L-----									-----S-----T-----IPVSX-----VKS

SUBSTITUTE SHEET (RULE 36)

WORLDPAT

49/7/04

WORLDPAT

50/7/04

PCT/EP/2005/001569

ANNEX C

Figure 6. NS5B amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ	265	660	2670	2680	2690	2694
HCV-1	1a		STVTESDIRTEEAIVYCCDLDPOAPVAKSITERJY					
HCV-J	1b		-----N-----S-----A-----E-----Q-----R-----					R-Q-----
2T14	1c				H-D-----A-----N-----			
BN11	1d	54	-----N-----V-----S-----A-----D-----R-----					R-Q-----
BN12	1d	56	-----N-----V-----S-----A-----X-----E-----					R-Q-----
FR17	1d	58	-----N-----V-----S-----A-----E-----K-----					R-Q-----
CAH1078	1c	52	-----A-----S-----H-----P-----					
FR2	1f	64	-----S-----D-----K-----R-----					K-Q-----
FR16	1g	68	XX-----V-----X-----A-----E-----					R-Q-----
HC-J6	2a		-----R-----S-----A-----P-----E-----H-----					M-----R-----Q-----
HC-J8	2b		-----R-----S-----A-----S-----P-----E-----					M-----R-----Q-----
ARG8	2c				S-----S-----P-----E-----T-----H-----			M-----R-----Q-----
NE32	2d				S-----I-----A-----S-----P-----E-----T-----H-----			M-----R-----Q-----
BN13	2e	70	-----R-----X-----S-----A-----S-----P-----E-----T-----H-----					M-----R-----Q-----
FR4	2f	72	-----R-----S-----I-----A-----S-----P-----E-----T-----H-----					M-----R-----Q-----
BN15	2h	74	-----A-----R-----S-----I-----A-----S-----P-----E-----T-----H-----					M-----R-----Q-----
FR13	2k	78	-----R-----V-----S-----V-----I-----S-----P-----E-----A-----H-----					M-----R-----Q-----
FR18	2l	80	-----R-----N-----S-----P-----I-----A-----S-----P-----E-----T-----H-----					M-----R-----Q-----
BR34	3a							M-----R-----Q-----
BR36	3a							M-----R-----Q-----
BR39	3a							M-----R-----Q-----
T9	3b							M-----R-----Q-----
PA64	3g	82	-----Q-----V-----S-----E-----D-----P-----E-----K-----S-----A-----					M-----R-----Q-----

GB48	4c		-----R-----V-----E-----V-----E-----S-----K-----T-----A-----					M-----R-----Q-----
GB116	4c		-----R-----V-----E-----V-----E-----S-----K-----T-----A-----					M-----R-----Q-----
GB215	4c		-----K-----V-----E-----V-----E-----S-----K-----T-----A-----					M-----R-----Q-----
GB258	4c		-----K-----V-----E-----V-----E-----S-----K-----T-----A-----					M-----R-----Q-----
GB809	4e		-----R-----K-----V-----E-----V-----E-----S-----K-----T-----A-----					M-----R-----Q-----
CANG22	4f		-----R-----V-----E-----V-----E-----S-----K-----T-----A-----					M-----R-----Q-----
GB349	4g		-----R-----S-----E-----E-----S-----K-----T-----A-----					M-----R-----Q-----
GB432	4h		-----R-----V-----E-----E-----S-----K-----T-----A-----					M-----R-----Q-----
GA44/12054	4i		-----R-----X-----V-----E-----E-----S-----K-----T-----A-----					M-----R-----Q-----
CANG501	4j		-----X-----R-----G-----V-----E-----S-----K-----T-----A-----					M-----R-----Q-----
EG13	4j		-----V-----N-----E-----E-----S-----K-----T-----A-----					M-----R-----Q-----
BN18	5a	83	-----K-----V-----E-----E-----S-----K-----T-----A-----					M-----R-----Q-----
BN112	5a	86	-----K-----V-----E-----E-----S-----K-----T-----A-----					M-----R-----Q-----
EG61	4m	88	-----R-----V-----E-----E-----S-----K-----T-----A-----					M-----R-----Q-----
BB29	5a		-----H-----M-----S-----S-----P-----K-----T-----A-----					M-----R-----Q-----
CHR38	5a		-----H-----M-----S-----S-----P-----K-----T-----A-----					M-----R-----Q-----
VN13	7a	90	-----R-----V-----D-----K-----E-----A-----T-----D-----					M-----R-----Q-----
VN14	7c	92	-----R-----X-----D-----K-----E-----A-----T-----D-----					M-----R-----Q-----
VN12	7d	94	-----S-----R-----D-----K-----E-----A-----T-----D-----					M-----R-----Q-----
FR1	8a	96	-----G-----R-----D-----L-----S-----Q-----E-----B-----					M-----R-----Q-----
NE99	10a	98	-----O-----V-----L-----P-----A-----K-----D-----R-----V-----T-----					M-----R-----Q-----
FR14	11c	100	-----R-----S-----L-----Q-----P-----E-----K-----					M-----R-----Q-----
PR15	11a	102	-----R-----S-----X-----Q-----P-----E-----K-----					M-----R-----Q-----
FR19	11a	106	-----R-----S-----X-----L-----Q-----P-----E-----K-----					M-----R-----Q-----

NO SITES
PCT. POSITIONS
NO SITES
PCT. POSITIONS
NO SITES
PCT. POSITIONS
7.0 / 7.4

ANNEX ①

Isolate	Type	SEQ	2100	2200	2300	2400	2500	2600
		ID	2695	1				2744
HCV-1	1a		YRRCPASGVLITSCGNTLTCYIKNSAANCRAGC		DC	MLVCGDGLVVICE		
HCV-J	1b			L-T		N-		
2TY4	1c			L				
BNL1	1d	54						
BNL2	1d	56						
FR11	1d	58						
CAM1078	1e	63						
FR2	1f	64						
FR16	1g	68						
HC-36	2a			L-A		N-PE-		
HC-38	2b			H-I-V-L-K		MAP-	S-	
ARG8	2c			M-M-L-K		IV-PV	S-	
NE92	2d			A-H-V-N		IVAP-		
BNL3	2e	70		F-H-M-I-V-Q-K		MAP-	S-	
FR4	2f	72		H-I-V-L-K		MAP-	S-	
BNL5	2h	74		M-I-V-L-K		MAP-	J-S-	
FR13	2k	78		M-L-Q		MAP-	S-	
FR18	2l	80		P-F-I-T-A		NPDE	VA-	
BR34	3a			P-F-I-T-AK		SPDE	VA-	
BR36	3a			P-F-I-T-AK		NPDE	VA-	
BR33	3a			P-F-I-T-AK		NPDE	VA-	
T9	3b			P-F-I-R-S		X-PSF	VS-	
PAK64	3g	82		P-Y-I-A		PSF	VA-	

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

WO 961350

71/74

PCT/EP2003/001515

GB48	4c	1	Y-F-L-S-I-K	1	Y-F-L-A-
GB116	4c		Y-F-L-S-I		A-
GB215	4c		Y-F-L-S-I-S		A-
GB358	4c		Y-F-L-S-I		A-
GB809	4c		Y-F-M-L-S-I		A-
CAMG22	4c		Y-F-FL-T-TK		A-
GB549	4g	Q	Y-F-V-L-V-T	KG-S	
GB438	4h	L	Y-F-V-L-T-T	K	A-
CAR4/120541			Y-F-L-T-T	K	A-
CAR1/501	4j	Q	T-Y-L-T-T	K	S-
EG13	4j		P-F-L-T-I	K	
BNL8	4k	84	Y-F-L-S-I		A-
BNL12	4l	86	Y-F-V-L-T-T	K	A-
EC61	4m	88	Y-F-L-T-T	K	A-
BE55	5a		F-M-M-I-S-R-L		A-
CHR18	5a		F-M-M-L-S-R-L		A-
VN13	7a	90	Y-L-Q-R-FD		S-
VN4	7c	92	L-Q-R-K-NFD		A-
VN12	7d	94	F-L-M-L-Q-X-K-NFD		A-
FR1	10a	95	P-M-I-FL-T-F-ID		VS-
NE98	10a	98	P-F-I-K-TK-X-KNSF		A-
FR14	11a	100	F-L-M-K-K-IV-PV		S-
FR15	11a	102	F-L-M-K-K-IV-PV		S-
FR19	11a	106	F-L-M-K-K-IV-PV		S-

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

WO 961350

72/74

PCT/EP2003/001515

1350 1255

ANNEX E

73/74

Isolate	Type	SEQ	10	2745	11	2757
HCV-1	1a			SAQVIVLWVFLKKA		
HCV-J	1b			---T---D---		
SE90	1b			---T---		
BNL1	1d	54		---E---D---		
BNL2	1d	55		---E---D---V		
FR17	1d	58		X---E---D---V		
CAM1078	1e	62		-V---T---		
FR2	1f	64		IE---XX---PE		
FR16	1g	68				
HC-36	2a			-Q---TE---DKN---		
HC-38	2b			-Q---NE---DKN---		
NE92	2d			-Q---IE---DKN---		
BNL3	2e	70		-Q---E---DKN---		
FR4	2f	72		-Q---AE---DKN---V		
BNL5	2h	74		-Q---TE---DKN---V		
SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)	FR13	2k	78	-Q---TER---DKN---P		
FR18	2l	80		-Q---TE---DKN---V		
BR34	3a					
BR36	3a					
BR33	3a					
FR9	3b			-C---E---P---A---		
PAK64	3g	82		-CX---D---EPAKALR		

GB48	4c		-D---E---I---X---P---G-			
GB116	4c		-D---E---X---A---G-			
GBE15	4c		-D---E---X---A---G-			
GB358	4c		-D---E---X---A---G-			
GB809	4c		-G---E---X---A---G-			
CAM522	4f		-D---E---P---G-			
GB549	4g		-G---E---P---G-			
GB438	4h		-G---E---P---G-			
CAR4/12054i			-I---L---K---A---T			
CAR1/501	4i		-----E---P---T---X---P			
BNL8	4k	84	-D---E---N---A---X-			
BNL12	4l	86	-I---E---S---P-			
EG81	4m	88	-D---D---P---A---Q			
BS85	5a		-Q---TH---E---			
CHR18	5a		-Q---TH---E---			
SVN13	7a	90	-L---S---T---A---			
SVN4	7d	92	-G---S---V---A---			
VNL2	9a	94	-G---P---C---V			
FR1	9a	95	-----N---I---			
NE98	10a	98	-----ID---N---			
FR14	11a	100	-K---E---Q---V			
FR15	11a	102	-K---E---Q---V			
FR19	11a	106	-K---E---Q---V			

The following Annexes F-K are annotated copies of pages 5/74 (Core), 13-14/74 (E1), 59-60,63-64,67-68/74 (NS5B) of the Figures of the present application. These Figures are alignments of nucleotide sequences of the Core, E1 and NS5B regions of some of the newly identified HCV subtypes of the present invention with known prototype sequences from the corresponding regions. Similarly, triplet codons at a certain position representing a specific subtype differing from other triplet codons of known or new subtypes at the same position in the alignment are to be considered as genotype-specific triplets. Vertical lines are meant to promote reading of the aligned sequences (see also overview in Table 1).

ANNEX F

5/74

Figure 1 - continued

	201	202	203	204	205	206
HCV-1	1a	GGCTGTCGCCCCGAGGGCAGGACCTGGGCTCAAGCCGGGTTACCCCTTGGC				
HCV-J	1b	-C-----T-----				
HC-G9	1c	-C-C-A-----A-T-----G-----				
BNL1	1d	-Y-Y-----T-----T-----				
BNL2	1d	-C-A-T-----T-----NN-----				
CAM1078	1e	AG-C-A-----T-----				
FR2	1f	C-A-----T-----T-----A-----				
HC-J6	2a	-A-G-CT-ACT-----AAT-----GAA-A-A-A-C-----				
HC-J8	2b	A-A-G-CT-ACC-----A-T-----GAA-A-A-A-T-----				
S83	2c	A-A-G-CA-ACT-----A-T-----GAGG-A-A-----				
NE92	2d	A-A-G-C-C-ACT-----A-T-----GAA-A-A-A-----				
FR4	2f	A-A-G-CG-ACT-----A-T-----GA-GT-A-A-----				
BNL3	2e	A-A-G-NG-ACT-----T-----GA-GT-A-A-T-C-----				
BNL5	2h	A-A-G-CT-ACT-----PAT-----GA-GT-A-A-----				
NZL1	3a	-G-----AG-A-C-T-----				
HCV-TR	3b	CTC-G-----C-T-----				
NE46	3c	-G-----TGC-----AC-T-----G-----				
NE274	3d	-A-----AG-----C-T-----T-----				
NE145	3e	-A-C-C-AG-GA-AC-T-----C-----T-----C-----				
NE125	3f	-A-C-RAG-----C-T-----C-----T-----				
Z4	4a	-G-C-A-A-----AT-----G-----				
Z1	4b	G-C-----T-----				
GB358	4c	-A-----AT-T-----A-T-----A-----				
DK13	4d	-G-C-AA-T-----T-T-----T-----T-----				
GB809	4e	-G-C-AT-----AT-----G-----T-----				
BNL7	4k	-G-----AT-----A-T-----A-----A-A-T-A-----				
BE95	5a	-G-C-A-AC-C-T-----G-A-----				
HK2	6a	-G-C-A-C-----CA-----A-----				
FR1	9a	-TA-C-A-GACA-C-T-G-----G-A-C-----				
VN4	7c	A-TG-C-AC-AAAC-C-T-----C-----C-----				
VN13	7a	TG-AC-AAAC-C-T-----A-----C-----				
VN12	7d	TG-C-A-AA-C-A-C-A-----T-----C-----				
NE98	10a	-G-C-AA-----T-----				

ANNEX G

Figure 1 - continued

13/74

	601	610	619	630	640	650
HCV-1	1a	TACCA CGTC ACCA RTGATTGCCCTAAC TGAGTATTGTGTACGAGGCCG				
HCV-J	1b	-----T-----G-C-C-T-C-----A-----T-----A-----				
HC-G9	1c	-----T-----C-----TG-----TCCG-----A-----A-----				
BNL1	1d	-----T-----T-----C-C-TT-C-----C-----CA-C-T-----AT-----A-----				
BNL2	1e	-----T-----TC-----C-----TT-C-----C-----CA-C-T-----AT-----AG-----				
FR2	1f	-----T-----T-----C-----TT-C-----GGC-----C-----U-----A-----T-----A-----A-----				
HC-J6	2a	---ATG---G-----C-----C-----A-C-----TGAT-----C-----ACC-----GGC-----ACTCCA-----				
HC-J8	2b	---T-----C-----T-----T-----A-----AAC-----C-----CACC-----GGC-----CTCG-----				
S83	2c	---ATGCCG-----C-----T-----C-----T-----C-----T-----GGC-----CTG-----A-----				
NE92	2d	---ATG-----A-----C-----AG-----AGT-----C-----C-----GGC-----CTCGAG-----				
BNL3	2e	---TATG-----CA-----C-----C-----T-----C-----AAC-----C-----C-----A-----GGC-----ATT-----N-----				
FR4	2f	---ATG-----CG-----T-----C-----TG-----C-----TGAC-----C-----C-----GGC-----CTCGAG-----				
BNL4	2g	---ATG-----CA-----C-----TT-----C-----AAC-----C-----CA-----C-----GGC-----AAT-----CA-----				
BNL5	2h	---TATG-----G-----T-----A-----AGC-----C-----C-----GGC-----CTCAA-----				
BNL6	2i	---ATG-----G-----T-----G-----AGC-----C-----C-----T-----GGC-----CTG-----A-----				
NZL1	3a	---GT-----C-----T-----C-----C-----TT-----C-----TAGC-----T-----C-----A-----				
HCV-TR	3b	---TGTGC-----T-----C-----C-----T-----TGG-----C-----C-----A-----				
NE48	3c	---ATAC-----C-----C-----TT-----G-----AGC-----C-----A-----T-----C-----A-----				
NE274	3d	---GTGC-----C-----C-----T-----GGC-----C-----C-----T-----C-----C-----				
NE145	3e	---ATGC-----C-----C-----T-----A-----AGC-----C-----A-----A-----T-----A-----				
NE125	3f	---ATAC-----T-----C-----C-----T-----AGC-----C-----C-----T-----T-----A-----				
24	4a	---T-----A-----T-----G-----T-----C-----A-----C-----T-----A-----T-----A-----				
Z1	4b	---T-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----				
GB358	4c	---T-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----				
DK13	4d	---T-----C-----G-----C-----A-----C-----T-----AA-----C-----A-----				
GB809	4e	---T-----A-----C-----C-----G-----TG-----C-----A-----A-----C-----A-----				
BNL7	4k	---T-----T-----G-----T-----A-----C-----A-----T-----C-----A-----				
BNL8	4k	-----C-----G-----C-----A-----T-----T-----C-----A-----				
BNL9	4k	---T-----TA-----C-----C-----G-----T-----A-----C-----A-----T-----C-----A-----				
BNL10	4k	-----T-----C-----G-----T-----A-----C-----A-----T-----C-----A-----				
BNL11	4k	-----T-----C-----G-----T-----A-----C-----A-----TT-----C-----A-----				
BNL12	4l	-----C-----C-----G-----C-----C-----A-----T-----T-----C-----A-----				
BE95	5a	---T-----T-----T-----A-----TTCC-----A-----C-----T-----A-----A-----				
HK2	6a	-----TC-----A-----C-----C-----C-----C-----CTG-----A-----				
FR1	9a	-----TC-----T-----C-----T-----G-----AAC-----C-----C-----T-----TT-----A-----				
VN4	7c	-----TC-----C-----C-----C-----AGC-----C-----C-----T-----T-----A-----				
VN12	7d	-----T-----TC-----A-----C-----C-----TAGC-----C-----T-----AA-----				
NE98	10a	---ATG-----A-----T-----C-----C-----AG-----GGT-----C-----T-----C-----G-----				

ANNEX H

14174

Figure 1 - continued

	651	66	670	676	677	700
HCV-1	1a	CGATGCCATCCTGCACACTCCGGGTGGCTCCCTGGCTTGTGAGGGCA				
HCV-J	1b	G-CATG---A-----C-C-----G-C-----C-G-A-T-				
HC-G9	1c	GA-CCTG---A-----TCTG-C-----T-G-C-A-A-C-----				
BNL1	1d	--G-ATG---A-----TAC---A-----G-C-----G-----AT-				
BNL2	1d	T-G-ATG---T-----G-C-A-----T-G-C-----G-----AA--				
FR2	1f	G-CAT-----T-----G-T-----N-G-C-A-A-G-A-----				
HC-J6	2a	G-C---TG---C---GTC---C-----G-----AGAAA-T---G-				
HC-J8	2b	T-C---AG-T-C---TCT---T-A-----A-T-AGA---TAATG				
S83	2c	A-GA---AG-G-T---T-----T-A-----T-AG---ACC-C--				
NE92	2d	G---TG-T---T---GTC---C-----T-----T-AGGAGA				
BNL3	2a	G-C---GG-G-T---TGT---T-A-T-----C-----AGAA-AGCTC-G				
FR4	2f	G-C---GG-G-C---TGT---T-A-T-----C-T-AGA-GTCA-T-				
BNL4	2g	G-GC---GG-G-T---TGT---T-A-T-----G-T-AGTTC-----				
BNL5	2h	G---TG-G-T---GTC---T-A-T-T-A-T-AGA-G-C-CAA-				
BNL6	2i	G-G---G---T---GTC---T-A-T-T-C-T-AGT-G-----A-				
NZL1	3a	T---T---T-----A-C-C-T-A-----T-CAG-C-----				
HCV-TR	3b	A---TG---T-----TTA-C-A-----G-C-----GACAACC-----				
NE49	3c	C---T---T-----TTG-C---T-----A-C-----GAA-CAAT-				
NE274	3d	T-A-T---T-----TTC-A-T-T-G-C-----AAUCA-----				
NE145	3e	A---TG---T-----TG---T-T-----T-C-----G-AGA-C-----				
NE125	3f	TG---T-----TG-C-C-T-G-C-----AC-C-----T-----				
Z4	4a	C-CA---A---TTG-----A-C-T-GATGCT-G-----				
Z1	4b	CC-CCA---A---TTG-A-----T-C-T-G-CAC-AG-----				
GB358	4c	CC-CCA---A---CTC-A-----TT-A-C-----CA-G-TT-G-----				
DK13	4d	TT-CCA---T-A---CTC-A-----A-T-----GA-G-A-G-----				
GB309	4e	A-CA---T-A---CTC-A-----A-C-T-GAACGCC-G-----				
BNL7	4k	C-CA---T-----CTC-A-T-----G-C-----GA-A-G-----G-----				
BNL8	4k	C-CCA---T-----CT-A-T-----G-C-----GA-ARCT-G-----				
BNL9	4k	C-CA---T-----TCTC-A-T-----G-C-----GA-A-T-G-----				
BNL10	4k	C-CA---T-AGCACT-A-T-----G-C-----GA-A-T-G-----				
BNL11	4k	C-CA---T-----CT-A-A-----G-C-----GAAA-----A-----				
BNL12	4l	C-CA---T-A---CTA-A-----T-A-C-T-GAACACT-G-----				
BE95	5a	TA-CCTG---A---G-A-T-T-----G-----T-GATGACA-T-----				
HK2	6a	T-C-ATG---T-----TTG---T-A-T-G-----T-GA-G-TC-ATG				
FR1	9a	GACCATG---A-----TCT---A-T-T-----A-TA-CAG-C-G-----				
VN4	7c	GACACTG---TT-----TTG---T-----T-A-----T-GAAGRT-RA-----				
VN13	7d	GCATG-----TCTC-----T-----C-----GAAAGACC-----				
NE93	10a	G---ATT-----C-----TTA-T-C-T-----C-----A-CFT-----				

ANNEX I

Isolate	Type	SEQ	10a	10b	10c	10d	10e	10f
		ID	8032					8081
HCV-1	1a		AGGCTTTATGTTGGGGCCCTTACCAATTCTAGGGGGGGAGUACTGGG					
HCV-J	1b		C-----T-C-G-T-----G-A-C-----					
BE90	1b		C-----A-C-----T-C-G-T-----A-C-T-----					
BNL1	1d	53	C-----G-C-A-C-----T-A-----AA-AC-----					
BNL2	1d	55	C-----G-C-----T-C-A-----A-C-----					
FR17	1d	57	C-----G-A-C-----T-C-A-----C-AA-C-----					
CAMI078	1e	61	-----G-C-----G-C-T-G-----AA-----					
FR1	1f	63	A-C-----T-C-G-A-C-----AA-C-----					
FR16	1g	67	C-----A-C-----C-C-----AA-AC-----					
HC-J6	2a		-----A-C-----A-G-C-A-GT-----CAGC-A-C-C-----					
HC-J8	2b		-----A-C-----A-G-C-----A-CAGC-PA-C-ATC-----					
BNL3	2e	69	-----A-C-----A-C-----CA-G-TG-----CAGC-AA-C-ATC-----					
FR4	2f	71	-----A-C-----G-A-C-----CA-G-TG-----CAGC-AA-C-TG-----					
BNL5	2h	73	-----A-C-----A-A-G-CR-G-TG-----CAGC-A-AC-TG-----					
FR13	2k	77	-----G-C-----A-T-CA-GT-----CAGC-A-C-ATC-----					
FR18	2l	79	-----A-C-----A-C-G-----GA-G-TG-----CAGC-AA-C-C-TG-----					
T1	3a		C-----CTGC-----A-GTT-----CAGC-A-----CCC-A-T-----					
T9	3b		C-----G-C-A-C-----A-T-CA-GTA-----CAGT-A-C-TCCC-G-----					
FR64	3g	81	C-----C-----A-T-CA-GTT-----CAGC-A-CIC-A-----					

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

WO 9601359

59 / 74

PC/TRANSFUSION

Isolate	Type	SEQ	10a	10b	10c	10d	10e	10f
		ID	8032					8081
GR49	4c		-----A-C-----G-C-T-CA-GCAT-----CAGC-A-A-CCTG-----					
GB116	4c		-----A-C-----G-C-T-CA-GCAT-----CAGC-A-A-CCTG-----					
GB215	4c		-----A-C-----G-C-T-CA-GCAT-----AGC-AA-A-CCTG-----					
GB358	4c		-----A-C-----G-C-T-CA-GCAT-----CAGC-A-A-CCTG-T-----					
GB809	4c		-----A-C-----G-C-----CA-GCAT-----CAGC-A-A-CCTT-----					
GR549	4g		-----A-C-----G-C-T-CA-GTA-----C-C-A-----CCTA-----					
BRG8	5i	83	-----A-C-----G-C-----CA-GCA-----CAGC-A-A-CCTT-T-----					
BNL12	1i	85	-----R-C-----G-C-----CA-GT-----CAGC-AA-----CT-----					
EG81	4n	87	-----A-C-----G-C-----T-CA-GT-----CAGC-A-A-CCTA-T-----					
CHR19	5a		C-C-G-----CTG-----A-----CA-GT-----CAGC-A-C-AC-A-T-----					
VN13	7a	89	C-A-T-G-----CTG-----T-----CA-GT-----C-T-AA-TG-----GCA-----I-----					
VN4	7c	91	C-----G-----CTG-----W-G-----CA-G-TG-----C-C-T-TG-----ATCA-----I-----					
VN12	7d	93	C-----G-----CTG-----C-----CA-GTA-----C-TCA-TG-----TCA-----I-----					
FR1	9a	95	-----C-----C-----A-GTA-----C-A-CC-AC-T-----					
NE98	10a	97	C-----CTG-----T-T-----A-GTT-----CAGC-A-AC-AC-----					
FR14	11a	99	-----A-A-C-----G-----GA-GGAA-----CAGC-A-C-C-GCT-----					
FR15	11a	101	-----A-A-C-----G-----GA-GGAA-----CAGC-AA-C-C-GC-----					
FR19	11a	105	-----A-A-C-----G-----GA-GGAA-----CAGC-A-C-C-GC-----					

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

WO 9601359

60 / 74

PC/TRANSFUSION

ANNEX J

Isolate	Type	SEQ	8132	840	850	860	870	880	890
		ID							
HCV-1	1a		CCCTCACTTCCGACATCA	CCCCCCCCCCCC	CCCC	CCGCTGCGAGGGGTC			
HCV-J	1b		--A-T-T-G-	--ACT-G-	--T-	--T-AA-			
EE90	1b		--T-A-S-C-A-	--'CT-	--T-	--T-GAA-			
BNL1	1d	53	--G-A-	--T-G-A-A-A-G-	--T-	--T-AA-			
BNL2	1d	55	--A-	--T-G-A-A-A-G-	--T-	--T-AA-			
FR17	1d	57	--A-T-T-G-A-A-G-	--T-GA-	--T-	--T-GAA-			
CAM1078	1e	51	--C--T-	--T-A-	--A-	--T-CAA-			
FR1	1f	63	--C-T-	--A-	--A-	--T-GAA-			
FR16	1g	67	--A-C-G-A-	--GCC-G-	--T-	--T-AA-			
HC-J6	2a		--A-A-	--TG-G-A-TTA-G-	--AAG-T-	--A-A-			
HC-J8	2b		--A-C-A-T-	--A-IT-	--G-AAG-T-	--A-			
BNL3	2c	69	--R-G-	--T-A-G-T-	--AA-	--A-NA-A-			
FR4	2f	71	--A-G-T-TG-G-A-TC-	--T-AA-	--T-G-CAT-				
BNL5	2b	73	--A-A-	--TG-G-ATTAA-I-	--CAA-T-	--CA-			
FR13	2k	77	--T-A-T-G-	--A-G-	--CA-C-	--C-GA-T-			
FR18	2l	79	--A-G-TG-G-A-AT-	--T-CA-	--T-C-A-T-				
T1	3a		--AA-	--T-	--ACA-G-	--TGGCAAG-			
T9	3b		--AA-A-C-T-	--ACT-	--A-CA-G-T-				
PAK64	3g	81	--AA-C-	--A-A-G-TGC-	--T-G-C-T-				

SUBSTITUTE SHEET (MULF 26)

MULF 26

65/74

PCT/US2004/031515

WO 2005/015150

6 1 / 7 7

PCT/US2004/031515

Isolate	Type	SEQ	8132	840	850	860	870	880	890
		ID							
GB48	4c		-A-1G-C1	-C-A-TCA-1	--TATCAA	--G-G-	--G		
GB116	4c		-A-G-G-	-TC-A-	-TCA-C-	-TATCA	--G-G-		
GB215	4c		-A-G-G-	-TC-A-	-TCA-C-	-ATCA	-G-G-		
GB358	4c		-A-G-G-	-C-A-	-TCA-C-	-TATCA	-G-C-		
GB809	4e		-AA-G-G-	-C-T-	-TCA-	--ATCA	-G-T-G-		
GB549	4g		-TG-A-G-G-T-TC-		-GT1-G-	-TAC-A-G-	--T-C		
BNL8	4k		-A-G-G-	-C-A-	-TCA-J-	-TAT-A-	-G-		
BNL12	4l		-AG-G-C-	-TC-T-	--ACC-	--TACCA	-G-T-		
EG81	4m		-A-G-C-	-C-	-AC-C-	-TACCA	--G-C-O-G		
CHR18	5a		--A-G-G-	-T-	--TTA-CT-	--A-	--AA-		
VN13	7a	89	-T-G-	--T-C-A-T-A-G-A-CA-	--T-C-	--G			
VN4	7c	91	--A-A-	--TT-G-A-A-A-	--G-A-G-A-AA-				
VN12	1d	93	--A-G-A-	--C-G-	--T-A-G-T-A-G-A-RR-				
FR1	(5)	95	--A-A-A-	--T-C-G-	--ARCC-C-T-C-A-C-	--G-T			
NEW6	10a	97	--AA-C-T-	--A-AAA-	--TACCAA	--T-C-AA-T			
FR19	11a	99	--A-C-T-	--A-TAAA	--G-T-AA-	--T-CA-T			
FR15	11a	101	--A-G-T-	--AAR-	--T-AA-Y-T-	--CH-T			
FR19	11a	105	--A-G-T-	--A-AA-G-T-AA-	--T-G-A-T				

SUBSTITUTE SHEET (MULF 26)

PCT/US2004/031515

ANNEX K

Isolate	Type	SEQ ID	7240	8110	1160	1170
HCV-1	1a	8232	AAGCCGCGCGCTCCAGGACCCACCGGCGCCGAGAGCC			9271
HCV-J	1b		G-T---AAC---T---	T---	GC---AC---	
BE90	1c		-----AAC---A---		AC---T---	
BNL1	1d	53	G-T---A---G---A---		A---AC---T---	
BNL2	1d	55	G---A---G---		A---AC---T---	
FR17	1d	57	G-T---R---A---G---T---		A---AC---T---	
CAM1078	1e	61	G-T-TA---AC---T---		C---	
FR2	1e	63	G-T---A---N---N---TC---T---			
FR16	1g	67	G-T---T---A---T---T---A---			
HC-J6	2a		C---CA---AC-C---	A---CC---A---		
HC-J8	2b		G---CAA---TAA---G---	A---CGA---A---	T---	
BNL3	2c	69	G---TCA---A---G---	ACCC---A---		
FR4	2c	71	G---TCA---CTG---	A---CGA---A---	T---	
BNL5	2c	73	G---TCA---AAC---G---	T---A---CG---A---	T---	
PR13	2k	77	G---TCA---ACTG---AG---	A---AAC---A---	C---T---	
FR16	2k	79	G---TCA---AC---G---	A---CGA---AT---	T---	
T1	3a		G---AT---C---G---T---	TAGA---AGC---		
T9	3b		-----TGC---C---G---	AGA---AGCT---C---		
FAK64	3g	81	G---TGG---TG---TG---T---	G---ATG---GAGC---		

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

PCT/EP2005/05026

67/74

PCT/EP2005/05026

Isolate	Type	SEQ ID	7240	8110	1160	1170
GB48	4c	8232	G---L---AT---C---AG---	A---CCGAGC---CG---		8271
GB116	4c		-----AT---C---AG---	A---ACGAGC---CG---		
GB215	4c		G---AT---C---AG---	A---ACGAGC---CG---	T---	
GB358	4c		G---AT---C---TG---	A---ACGAGC---CG---		
GB809	4c		G---GT---C---TG---	A---ACGAGC---CG---	T---	
GB549	4g		G---GC---C---AG---	T---AGAGGC---CC---		
BNL8	4k	83	G---AT---C---AG---	TAACCGAGC---CCN---		
BNL12	4l	85	G---R---C---AG---	T---CCAGCC---CC---		
EG81	4m	87	G---AT---C---GG---C---	CGCGAGAC---CCA---T---		
CHR16	5a		G---CA---ACG---C---	TAAT---		
VN13	7a	89	G---TTT---TC---	A---TGGTACA---C---T---		
VN4	7c	91	G---T---GA---A---TCT---	T---TACGCG---C---A---		
VN12	7d	93	G---CA---A---CT---	T---CGCGC---C---T---		
FR1	8a	95	G---T---T---A---A---C---	TATG---T---A---C---		
SUBIN98	10a	97	G---T---A---A---G---T---	AA---AGCGGC---T---		
FR14	11a	99	-----AA---GG---	CA---CG---GA---AC---T---		
FR15	11a	101	G---AA---AG---	CA---CGAGA---AG---		
FR19	11a	105	-----AA---GG---	CACCGAGA---AC---NT---		

SUBSTITUTE SHEET (RULE 26)

PCT/EP2005/05026

68/74

PCT/EP2005/05026

The above is submitted to demonstrate that one of ordinary skill in the art will be able to delineate a region of at least 12 contiguous nucleotides of the claimed polynucleic acid sequences wherein the amino acid sequence encoded by said at least 12 contiguous nucleotides comprises at least one genotype-specific amino acid residue, around the genotype-specific amino acid, as exemplified in the Annexes, and more generally, in all other claimed sequences.

Withdrawal of the Section 112 rejections is requested.

The claims and Figures have been amended above to correct certain typographical errors based on the priority documents, without prejudice. Support for the amendments may be found throughout the specification. No new matter has been added. The applicants understand that Amendment of July 11, 2005 has been entered and the above amendments have been made based on that understanding.

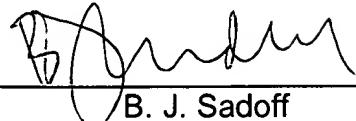
The claims are submitted to be in condition for allowance and a Notice to that effect is requested.

Maertens et al
Appl. No. 08/836,075
Monday, December 12, 2005

Respectfully submitted,

NIXON & VANDERHYE P.C.

By: _____



B. J. Sadoff
Reg. No. 36,663

BJS:
901 North Glebe Road, 11th Floor
Arlington, VA 22203-1808
Telephone: (703) 816-4000
Facsimile: (703) 816-4100

1/74

Fig. 1A

SEQ ID NO	1	50
208 HCV-1	1a ATGAGCACGAATCCTAACCTCAAAAAAAAACAAACGTAACACCAACCG	
209 HCV-J	1b -----A-----G-----C-----	
210 HCG9	1c -----G-----C-----	
1 BNL1	1d -----G-----C-----	
5 BNL2	1d -----G-----C-----	
9 CAM1078	1e -----G-----C-----A-A-----	
11 FR2	1f -----G-----C-----C-----	
211 HC-J6	2a -----A-----G-----C-----A-A-----	
212 HC-J8	2b -----A-----G-----C-----A-A-----A-----	
213 S83	2c -----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
214 NE92	2d -----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
17 FR4	2f -----A-----G-----CT-----A-A-----T-----	
13 BNL3	2e -----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
21 BNL5	2h -----A-----G-----C-----A-A-----T-----	
215 NZL1	3a -----ACT-----G-----C-----A-A-----T-----	
216 HCV-TR	3b -----ACT-----G-C-----C-----A-A-----ACT-----	
217 NE48	3c -----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----	
218 NE274	3d -----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----	
219 NE145	3e -----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----GT-----	
220 NE125	3f -----ATT-----G-C-----CC-----A-A-----ACC-----	
221 Z4	4a -----G-----C-----	
222 Z1	4b -----A-----G-----C-----	
223 GB358	4c -----G-----C-----	
224 DK13	4d -----G-----C-----	
225 GB809	4e -----T-----G-----C-----	
27 BNL7	4k -----G-----C-----	
226 BE95	5a -----G-----C-----A-A-----	
227 HK2	6a -----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----	
228 FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> -----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----T-----	
43 VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> -----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----T-----	
45 VN13	<u>7a</u> <u>8b</u> -----ACT-----G-----C-----A-----	
47 VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> -----ACT-----A-----C-----G-----C-----A-A-----A-----	
49 NE98	10a -----ACT-----A-----G-----C-----A-A-----N	

Fig. 1B

SEQ ID	NO	51	100
	208	HCV-1	1a TCGCCCACAGGACGTCAAGTTCCCGGGTGGCGGTCAAGATCGTTGGAG
	209	HCV-J	1b C-----T-----C-T-----
	210	HC-G9	1c C-----T-----C-----C-----
1	1	BNL1	1d C-----T-K-GS--NNNNNNN-----
5	5	BNL2	1d C-----N-----T-----
9	9	CAM1078	1e C-----C-T-C-----
11	11	FR2	1f C-----T-A-----G-G-----G-----
	211	HC-J6	2a -----A-----T-----T-----C-----C-----C-----
	212	HC-J8	2b C-----T-----C-----
	213	S83	2c C-----C-T-C-----C-----
	214	NE92	2d C-----C-T-C-----
17	17	FR4	2f -----T-----C-----C-----C-----
13	13	BNL3	2e C-----C-----C-----C-----
21	21	BNL5	2h C-----T-----C-T-C-----C-----
	215	NZL1	3a -----A-----
	216	HCV-TR	3b -----A-----T-----C-----A-----
	217	NE48	3c -----C-----
	218	NE274	3d -----T-----C-----C-----
	219	NE145	3e -----G-A-----T-----C-----C-----
	220	NE125	3f C-----C-T-G-----
	221	Z4	4a C-----CAT-----A-----T-C-----C-----
	222	Z1	4b -----CAT-----T-G-A-----C-----C-----C-----
	223	GB358	4c C-----CAT-----T-----C-T-C-----C-----
	224	DK13	4d C-----AT-----T-----C-----C-----
	225	GB809	4e C-----CAT-----T-----T-C-----C-----
27	27	BNL7	4k C-----CAT-----T-----T-C-----C-----
	226	BE95	5a -----C-T-----C-----
	227	HK2	6a -----AC-----C-----
	228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> -----TAT-----C-----C-----
43	43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> C-----C-----
45	45	VN13	<u>v</u> <u>b</u> -----
	47	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> -----AT-----T-----C-----
	49	NE98	10a C-G-----T-----A-C-----

Fig. 1C

SEQ ID	NO	101	150
	208	HCV-1	1a TTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGACGAGA
	209	HCV-J	1b -----C-----C-G-----T-G
	210	HC-G9	1c -----C-----C-G-----G
	1	BNL1	1d -----C-----C-GNN-----T-G
	5	BNL2	1d -----C-----C-G-----C-G
	9	CAM1078	1e -C---G--C-A-----AG-C-G
	11	FR2	1f -----C-G-----G
	211	HC-J6	2a -A-----C-G-----A-G
	212	HC-J8	2b -----C-----C-G-----A-G
	213	S83	2c -A-----C-----G-----G
	214	NE92	2d -A-----CC-G-----G
	17	FR4	2f -----C-G-----C-A-G
	13	BNL3	2e -----C-----.
	21	BNL5	2h -A-----CC-G-----G
	215	NZL1	3a -A---G-----AC-----C-T
	216	HCV-TR	3b -A---TG---C-----T-----AC-----AGTAC-T
	217	NE48	3c -A---G-----CT-----T-AC-T
	218	NE274	3d -C---AC-----A-----AGTTC-T
	219	NE145	3e -A-----AC-----A-TC-T
	220	NE125	3f -A---G-A-----AC-----AGT-C-T
	221	Z4	4a -----C-G-----TC--
	222	Z1	4b -----C-----CC-G-----AG-TC-G
	223	GB358	4c -----C-G-----T-G
	224	DK13	4d -----T-G
	225	GB809	4e -----G-----TC-G
	27	BNL7	4k -----C-G-----TC-G
	226	BE95	5a -----GA-----TC-G
	227	HK2	6a -----CC-G-----
	228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> -----C-T-----
	43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> -C-----C-----GC-C-----
	45	VN13	<u>7a</u> <u>8b</u> -----C-T-----G
	47	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> -C-----A-----AC-T-----G
	49	NE98	10a -----G-C-A-A-----CCAG-----T-AGT-C-C

4/74

Fig. 1D

SEQ ID	NO	151	200
208	HCV-1	1a AAGACTTCCGAGCGGTCGCAACCTCGAGGTAGACGTCAGCCTATCCCCAA	
209	HCV-J	1b -----T-A-G-A-A-----	
210	HC-G9	1c -----C-G-G-----T-----	
1	BNL1	1d -----A-----T-C-G-A-----	
5	BNL2	1d -----G-----T-AC-G-A-----T-T-----	
9	CAM1078	1e -----G-----T-G-G-C-A-----T-----	
11	FR2	1f -----C-A-G-A-----	
211	HC-J6	2a -----G-----C-G-A-T-A-G-C-----C-----T-----	
212	HC-J8	2b -----T-----A-C-G-G-T-AC-----C-----C-----G-----	
213	S83	2c --A-----A-----C-G-A-T-G-G-C-----C-----T-----	
214	NE92	2d --A-----C-G-A-T-G-G-C-----C-----C-----	
17	FR4	2f -----T-A-----C-G-A-T-A-G-C-----C-----A-----	
13	BNL3	2e -----T-A-----C-G-A-T-A-G-C-----C-----T-----	
21	BNL5	2h --A-----A-----C-G-A-T-G-G-C-----C-----T-----	
215	NZL1	3a --A-----T-A-----A-G-----C-AC-----A-----	
216	HCV-TR	3b -----G-----CAAACAG-----C-T-----	
217	NE48	3c -----A-G-----C-CGC-G-G-----	
218	NE274	3d --A-----AG-----C-CAACC-G-G-----	
219	NE145	3e -----A-----A-----C-C-AC-G-A-----T-----	
220	NE125	3f --AT-----C-AC-G-G-----	
221	Z4	4a -----G-----T-C-G-A-----	
222	Z1	4b -----G-----A-----T-C-G-----	
223	GB358	4c -----G-----T-G-----	
224	DK13	4d -----G-----T-G-G-C-----	
225	GB809	4e -----G-----T-G-G-C-A-----	
27	BNL7	4k -----G-----T-G-C-A-----	
226	BE95	5a -----G-A-----C-T-AC-G-----T-----	
227	HK2	6a -----A-C-G-CA-----C-G-C-A-----A-A-----	
228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> -----C-----A-----C-G-A-----C-G-C-----C-A-A-----	
43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> -----T-A-----C-G-CA-----G-C-A-A-A-----	
45	VN13	<u>7a</u> <u>8b</u> --A-----T-A-----C-G-CA-G-----C-A-----A-G-----	
47	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> -----G-A-----C-GG-CA-----G-C-A-A-A-----	
49	NE98	10a -----CA-----G-C-A-C-----G-----	

5/74

Fig. 1E

SEQ ID	NO	201	250
	208	HCV-1	1a GGCTCGTCGGCCCGAGGGCAGGACCTGGGCTCAGCCCCGGTACCCCTGGC
	209	HCV-J	1b -----C-----T-----
	210	HC-G9	1c ---C--C--A-----A-----T-----G-----
1	1	BNL1	1d -----Y--Y-----T-----T-----
5	5	BNL2	1d -----C-A-T-----T-----NN-----A-----C-T--C-----
9	9	CAM1078	1e --AG--C--A-----T-----
11	11	FR2	1f -----C--A-----T-----T-----A-----
	211	HC-J6	2a --A---G---CT--ACT---AAT-----GAA-A--A--A---C-----
	212	HC-J8	2b A-A---G---CT--ACC---A-T-----GAA---A--A--T-----
	213	S83	2c A-A---G---CA--ACT---A-T-----GAAG---A--A-----
	214	NE92	2d A-A---G---C---ACT---A-T-----GAA-A--A--A-----
17	17	FR4	2f A-A---G---CG--ACT---A-T-----GA-GT--A--A-----
13	13	BNL3	2e A-A---GN-NG--ACT---T-----GA-GT--A--A--T--C-----
21	21	BNL5	2h A-A---G---CT--ACT---AAT-----GA-GT--A--A-----
	215	NZL1	3a ---G-----AG---A--C---T-----
	216	HCV-TR	3b -----CTC--G-----C---T-----
	217	NE48	3c ---G-----TGG-----AC---T-----G-----
	218	NE274	3d ---A-----AG-----C---T-----T-----
	219	NE145	3e ---A--C-C-AG--GA--AC---T-----G-----T-----C-----
	220	NE125	3f ---A--C--AAG-----C---T-----C-----T-----
	221	Z4	4a ---G--C-A---A-----AT-----G-----
	222	Z1	4b ---G--C---T-----T-----
	223	GB358	4c ---A-----AT-T-----A-----T-----A-----
	224	DK13	4d ---G--C-AA-T-----T-----T-----T-----T-----
	225	GB809	4e ---G--C---AT-----AT-----G-----T-----
27	27	BNL7	4k ---G-----AT-----A-----T-----A-----A--A--T--A-----
	226	BE95	5a ---G--C-A---AC---C---T-----G--A-----
	227	HK2	6a ---G--C-A---C-----CA-----A-----
	228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> --TA--C-A---GACA---C-T-G-----G--A-----C-----
43	43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> A-TG--C-AC-AAAC---C-T-----C-----C-----
45	45	VN13	<u>7a</u> <u>8b</u> --TG---AC-AAAC---C-T-----A-----C-----
47	47	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> --TG--C-A-AA-C-A---C-A-----T-----C-----
49	49	NE98	10a ---G--C--AA-----T-----

6/74

Fig. 1F

SEQ ID			
NO	251	300	
208	HCV-1	1a CCCTCTATGGCAATGAGGGCTGCGGGTGGCGGGATGGCTCCTGTCTCCC	
209	HCV-J	1b -----C-----TATG-----A-----A-----	
210	HC-G9	1c -----C-----T-----C-----	
1	BNL1	1d -----N-----C-----	
5	BNL2	1d -----A-----C-----	
11	FR2	1f -----CT--C-----A-----C---T	
211	HC-J6	2a -----A--C--G-----ACT--C-----A-----C-----	
212	HC-J8	2b -----G--C--A--C-----T-----C-----T-----C-----	
213	S83	2c -----G-----G-----CT-----C-----A--G-----C-----	
214	NE92	2d -----G--C--G-----CT-----C-----A--G-----C-----	
17	FR4	2f -----G--C--G--C-----CT-----C-----A--G-----C-----	
13	BNL3	2e -----G-----G--C-----GCT-----C-----A-----C-----	
21	BNL5	2h -----G-----G--C-----CTT-----T-----A-----T-----C---T	
215	NZL1	3a -----T--C-----A--G-----C-----A-----	
216	HCV-TR	3b -----C--G--A-----T-----A-----T-----C-----	
217	NE48	3c -----C--T-----C-----	
218	NE274	3d -T--T-----T-----A-----T-----C-----	
219	NE145	3e -----T--C-----A--G-----T-----T-----	
220	NE125	3f -----G-----T-----A-----	
221	Z4	4a -----A--G-----T-----	
222	Z1	4b -----T--C-----T-----A--G-----C-----	
223	GB358	4c -T--T--C--T-----T-----A-----T-----	
224	DK13	4d -----T--C-----A-----	
225	GB809	4e -----T--C-----T-----A--G-----C--T	
27	BNL7	4k -T--T--C--T-----T-----ANN-----T-----C-----	
226	BE95	5a -----T--C--C-----CT-----A--G-----G--C--C--T	
227	HK2	6a -T--T-----A--C-----T-----A--T-----C-----	
228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> -----T-----C-----A-----C-----	
43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> -T--T-----A-----T--T-----A--C-----C-----	
45	VN13	<u>7a</u> <u>8b</u> -T--T-----G-----T--T-----C-----A--G-----C-----	
47	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> -----T-----G--C-----C-----G-----T-----C-----	
49	NE98	10a -----A-----G-----A--G-----C--G	

7/74

Fig. 1G

SEQ NO	ID	301	350
208	HCV-1	1a CGTGGCTCTCGGCCTAGCTGGGGCCCCACAGACCCCCGGCGTAGGTCGCG	
209	HCV-J	1b -----T-----	
210	HC-G9	1c --C-----T-----TT-T-----G-----A--	
1	BNL1	1d --C-----	
5	BNL2	1d --C-----	
11	FR2	1f --C-----C--T-----AT-----A-----A--A--	
211	HC-J6	2a --A--T--C--T--CTCT-----AT-----A-----C--	
212	HC-J8	2b --C--G-----T-----CT-----C-----A-----A--A--	
213	S83	2c --C--T-----C-----TCA-----C-----A-----AA--	
214	NE92	2d --A--G-----C-----GTCA-----A--T-----AC-----A--	
17	FR4	2f --G-----C-----CTCG-----A--AC-----AC-----A--	
13	BNL3	2e --A-----	
21	BNL5	2h --A-----	
215	NZL1	3a --C-----C--T--ATC-----A--AT-----G-----C--	
216	HCV-TR	3b -----T-----C-----T-----A--AT-----A-----C--	
217	NE48	3c --C--T-----G-----A--AT-----A-----A--C--	
218	NE274	3d --C-----ATCT-----AT-----A-----T--	
219	NE145	3e --C-----C--A--G--T-----AC-----A-----C--	
220	NE125	3f -----C--C-----T-----A--AT-----A-----A--	
221	Z4	4a --C-----ATCT-----A--AT--T-----G--A-----	
222	Z1	4b --C--T--CA-----GTCT-----AT--T-----C--	
223	GB358	4c -----A--GTCT-----A--AT--T-----A-----C--	
224	DK13	4d -----GTCT-----G--AT--T-----G-----C--	
225	GB809	4e --C--G-----GTCT-----T--AT--T-----G-----C--	
27	BNL7	4k --C--T----	
226	BE95	5a --A-----AT-----AT-----A--AA-----	
227	HK2	6a --C-----C-----ACAT-----AT-----C--A--C--	
228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> --C--G-----T-----AT-----AC-----A-----C--	
43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> --C-----C--A--AT-----A--AC-----G-----C--	
45	VN13	<u>7a</u> <u>8b</u> -NC-----C-----AT-----T--AT-----N--G-----C--	
47	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> -----C--GGA-----N-----AT-----N--G-----C--	
49	NE98	10a --C-----	

8/74

Fig. 1H

SEQ ID	NO	351	400
	208	HCV-1	1a CAATTGGGTAAAGGTACATCGATAACCCTTACGTGCGGCTTCGCCGACCTCA
	209	HCV-J	1b T-----A-----
	210	HC-G9	1c -----C-----T-----
	11	FR2	1f -----A-----T-----T-----
	211	HC-J6	2a ---CG-----A-----T-----
	212	HC-J8	2b -----C-GA-----A-----T-----T-----T-----
	213	S83	2c ---C-----A-----T-----T-----
	214	NE92	2d ---C-----T-----T-----
	17	FR4	2f ---C-----C-----T-----T-----S-----
	15	BNL3	2e -----N-NT-----
	215	NZL1	3a -----A-----A-----A-----
	216	HCV-TR	3b ---C---T-----A-----T-----A-----
	217	NE48	3c -----A-----A-----G-----
	218	NE274	3d ---CC-----A-----A-----A-----T-----
	219	NE145	3e -----C-----T-----C-----A-----G-----T-----
	220	NE125	3f ---C-----C-----T-----A-----T-----
	221	Z4	4a ---C-----G-----
	222	Z1	4b T---C-----A-----G-----T-----
	223	GB358	4c ---C-----A-----C-----T-----
	224	DK13	4d ---C-----A-----T-----
	225	GB809	4e ---CC-----A-----A-----
	226	BE95	5a T-----A-----A-----T-----
	227	HK2	6a G-----A-----T-----G-----T-----
	228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> ---C-----A-N---NC-A-----
	43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> ---C-----A-----C-----T-----
	45	VN13	<u>7a</u> <u>8b</u> ---CC-----T-----N-----S-----
	47	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> ---CC-----C-----C-----T-----

9/74

Fig. 11

SEQ ID	NO	401	450
	208	HCV-1	1a TGGGGTACATACCGCTCGTCGGCGCCCTCTGGAGGCCTGCCAGGGCC
	209	HCV-J	1b -----T-----T-----C-A-G-----
	210	HC-G9	1c -----C-----T-----A-G-----A-T
	11	FR2	1f -----T-----C-A-G-----T-----AA-----
	211	HC-J6	2a -----C-TG-A-----G-C-C-----TC-----A-T
	212	HC-J8	2b -----C-TG-T-----GG-----TC-----A-T
	213	S83	2c -----CG-T-----T-CG-C-----T-----A-----
	214	NE92	2d -----C-TG-----AG-----T-T-TC-----A-T
	17	FR4	2f -----TG-----G-G-C-----T-----A-----
	15	BNL3	2e -----N-CG-T-----GG-G-C-G-TN-----
	215	NZL1	3a -----C-----T-----G-A-----TC-----A-----A-----
	216	HCV-TR	3b -----T-----G-G-G-----TC-----A-----A-----
	217	NE48	3c -----T-----CG-G-G-----T-----A-----
	218	NE274	3d -----T-----T-----G-A-G-----TC-----A-----A-----T
	219	NE145	3e -----T-T-----T-----GG-A-----TC-----G-----
	220	NE125	3f -----T-----T-----CG-A-G-----TC-----A-----
	221	Z4	4a -----A-C-A-G-----CG-G-G-----TC-----T
	222	Z1	4b -----A-T-----A-----G-G-T-----TC-----
	223	GB358	4c -----A-C-----A-----CG-G-T-----TC-----
	224	DK13	4d -----A-C-G-----A-----CG-G-T-----TC-----A-----
	225	GB809	4e -----A-C-----T-----A-----CG-G-T-----TC-----A-----
	226	BE95	5a -----T-C-----A-----G-----CA-----G-----TC-----A-----T
	227	HK2	6a -----T-CG-----G-----G-----T-G-C-----TC-----GGCT-----G
	228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> -----C-TG-C-A-A-GG-G-----C-----T-----GGCT-----
	43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> -----T-C-TG-----A-----T-----GW-G-----TC-----GGN-----
	45	VN13	<u>7a</u> <u>8b</u> -----A-A-----T-----
	47	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> -----A-----C-TG-----T-----C-----T-----GGC-----AA

10/74

Fig. 1J

SEQ ID	NO	451	500
208	HCV-1	1a CTGGCGCATGGCGTCCGGTTCTGGAAGACGGCGTGAACATATGCAACAGG	
209	HCV-J	1b -----A-----T-----G-----	
210	HC-G9	1c -----A-----T-----TA-A-C-----T-C-----	
3	BNL1	1d -----	
7	BNL2	1d -----	
11	FR2	1f ---N-A-----T-----C-----N-G-----TNNNNNNNNNNNNNN	
211	HC-J6	2a --C-----GA-A-C-----G-----G-T-T-T-----	
212	HC-J8	2b -----A-C-T-TA-C-G-----GA-A-T-C-----	
213	S83	2c --C-C-----G-GA-----G-----GA-A-T-----G-----	
214	NE92	2d --C-----GA-A-----GA-A-----	
15	BNL3	2e --C-N-G-C-G-----GA-A-T-----N-----	
17	FR4	2f --C-----G-C-G-----GA-A-T-----	
19	BNL4	2g -----G-A-T-----	
23	BNL5	2h -----GA-A-C-----	
25	BNL6	2i -----GA-A-----	
215	NZL1	3a --C-----GA-CC-T-----GA-A-T-TC-----	
216	HCV-TR	3b --C-T-T-GA-CA-T-GG-----A-----	
217	NE48	3c --C-----GA-C-T-G-----GA-T-TC-----	
218	NE274	3d --C-A-T-GA-A-CC-T-G-----AA-A-T-TC-----	
219	NE145	3e --C-A-C-G-AA-C-C-G-----AA-A-T-T-----	
220	NE125	3f --A-A-T-G-----AA-A-T-----	
221	Z4	4a -----A-C-G-G-----GA-T-----	
222	Z1	4b -----A-CCG-G-----AA-T-C-----	
223	GB358	4c -----A-C-T-TA-C-G-G-----GA-C-T-G-----	
224	DK13	4d -----A-C-G-----G-C-T-----	
225	GB809	4e -----A-C-T-TA-C-G-----GA-C-C-----	
29	BNL7	4k -----GA-C-T-T-----	
31	BNL8	4k -----GA-C-T-----	
33	BNL9	4k -----GA-T-T-----	
35	BNL10	4k -----GA-C-T-----	
37	BNL11	4k -----GA-T-T-----	
39	BNL12	4l -----GA-C-T-----	
226	BE95	5a --C-A-C-T-G-----G-A-----	
227	HK2	6a --C-A-GA-CAA-C-G-----GA-C-T-----	
228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> -----TA-CAA-C-G-----G-C-T-C-----	
43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> T-G-AN-NCA-C-G-----N-A-T-C-----N	
47	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> ---NA---T---A---CCA-C-G-----GA-A-----	
51	NE98	10a -----AA-T-T-TC-----	

11/74

Fig. 1K

SEQ ID		501	550
NO			
208	HCV-1	1a GAACCTTCCTGGTTGCTCTTCTATCTTCCTCTGCCCTGCTCTCTT	
209	HCV-J	1b ---T--G--C-----CT-A--TT---G-----	
210	HC-G9	1c -----C--C-----T-----T-G--C--T--T--A--C-	
3	BNL1	1d -----T-G--C-----CT-----TT-----G--C-	
7	BNL2	1d -----TT-G-----CT-A--TT-T--G--C-	
11	FR2	1f N-----N-----NN-----CT-----NT-A-----	
211	HC-J6	2a -----T-A--C-----C--T-----T-G-----G--C-	
212	HC-J8	2b -----TT-A--C-----T-----TT-G--T--T--T--G--A-	
213	S83	2c -----TT-G--C-----T-----CT-----CT-G-----	
214	NE92	2d -----T-G--C-----C--T-----T-AT-----A-----	
15	BNL3	2e -----C-----C--T-----TNGT-----T--T--G-----	
17	FR4	2f -----T-G--C-----C--T-----T-G-----T--CT-G-----	
19	BNL4	2g -----T-G-----T-----T-GT-----T--T--G-----	
23	BNL5	2h -----T-G--C-----C--T-----T-G-----T--A--C-----	
25	BNL6	2i -----G-----C--T-----T-A-----T-----	
215	NZL1	3a -----T-G--C-----C--T-----T--T--T-----T-----	
216	HCV-TR	3b -----T-----C--T-----T-----C--C--T--CT-----C-----	
217	NE48	3c -----TT-A-----C--T-----T-G-----T--T--CT-----A-----	
218	NE274	3d -----TT-A--C-----T-----T-G-----T--TT-----	
219	NE145	3e -----C-----T-----T-G-----T--T--T-----G--A-----	
220	NE125	3f -----TT-G--C-----C--T-----T--T--CT-----A-----	
221	Z4	4a -----T-----C-----T-----A--T--T--G-----	
222	Z1	4b -----T-----T-----A--T-----G-----	
223	GB358	4c -----T-----C-----T-CT-----A--T--T--G-----	
224	DK13	4d -----T-----C-----CT-----A-----G-----	
225	GB809	4e -----T--C--C-----C--T-----CT-----A--T-----G-----	
29	BNL7	4k -----C--C-----C--T-----CT-----A--C-----G-----	
31	BNL8	4k -----C-----T-----CT-----A--C-----G-----	
33	BNL9	4k -----T-----C-----C--T-----CT-----A--T-----G-----	
35	BNL10	4k -----TA-----C-----Y--T-----Y-----A--T-----G-----	
37	BNL11	4k -----Y--C--C-----T-----CT-----A--T-----G-----	
39	BNL12	4l -----C--C-----A-C-----A--T-----G-----	
226	BE95	5a -----TT-A--C-----TA-----T--T--T-----G-----	
227	HK2	6a -----T--C--C-----T-----A--A-----G-----	
228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> -----T-----C--T-----CT-A--A--T-A--G-----	
43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> -----T-----C--NN-----N-----N--CT-----A--T-----G-----	
47	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> -----T-----WCT-----A--T-----G-----	
51	NE98	10a -----TT-A-----TT--T-----A-----	

12/74

Fig. 1L

SEQ ID	NO	551	600
208	HCV-1	1a GCTTGACTGTGCCGCTTCGGCCTACCAAGTGCACACTCCACGGGCTT	
209	HCV-J	1b -T-----CA-C-A-----C-T-G-G-----GTGT-C-A-A	
210	HC-G9	1c --C-A-C-T-----GT-GG-----TT-----G-G	
3	BNL1	1d -----G-T-AA-KA-C-TC-G-G-----G-AT-C-G-G	
7	BNL2	1d -----G-T-AA-A-C-TC-TG-G-----G-AT-C-G-A	
11	FR2	1f --C-C-A-C-A-C-T-----TG-G-A-G-A-A-C-ATGGC	
211	HC-J6	2a --A-C-CACC-G-TC-C-TGC-G-AAG-AT-GTACCGGC	
212	HC-J8	2b --G-C-A-A-T-TG-T-AGTGG-CA-G-ATT-GTTCTAGC	
213	S83	2c --A-CT-A-T-C-GTGG-G-CAAGG-A-GGC-ACTCC	
214	NE92	2d -TA-C-G-TC-C-G-TG-G-CAAG-A-GCA-CTC	
15	BNL3	2e -TG-C-C-T-TC-T-N-GTTG-G-CAAA-TA-GTCA-GCC	
17	FR4	2f -TA-C-C-TG-T-ATA-G-TAAG-AA-GCCACT-C	
19	BNL4	2g -TG-C-C-T-TC-T-GTGG-G-TAAG-A-GTACCA-G	
23	BNL5	2h -TC-C-G-G-C-TGTG-G-CAAG-A-GCCACTC	
25	BNL6	2i --A-C-C-G-TC-T-GT-G-TGCG-CG-GT-TTC-	
215	NZL1	3a -----A-T-CAT-A-AG-CAGTCTAG-GTG-G-TA-GT-T-C-C	
216	HCV-TR	3b -----TGC-G-T-G-TAG-GTACACG-A-GT-T-C-A	
217	NE48	3c -----GTCTGT-T-AG-A-GGCT-G-GTAC-G-TGTAT-C-C-C	
218	NE274	3d -----GTCTGT-T-G-A-GGATTG-TAC-G-TGTGT-T-C-C	
219	NE145	3e -----CT-TGC-T-AGTC-GG-TGG-G-T-G-AT-C-T-C	
220	NE125	3f -----GT-TCC-AG-GGCTAG-GTACA-G-A-GT-C-C-A	
221	Z4	4a --C-C-T-A-G-TG-G-CTAC-G-TG-TT-CA-C	
222	Z1	4b --C-AACA-A-A-T-GT-G-CTAC-G-TG-TT-CG-C	
223	GB358	4c --C-T-A-C-GT-A-CTAT-TG-T-CA-C	
224	DK13	4d --C-T-A-CTAT-AG-T-TG-C	
225	GB809	4e --C-C-T-G-G-GTTA-CTAT-TG-TT-CG-	
29	BNL7	4k --C-C-AT-A-CTAT-TGT-T-CA-	
31	BNL8	4k --C-T-ATTA-CTAC-A-T-CA-C	
33	BNL9	4k --C-C-ATTA-CTAC-A-A-T-CA-C	
35	BNL10	4k -TC-C-ACTA-CTAT-GT-T-CA-C	
37	BNL11	4k --C-C-AC-A-CTAC-TGT-T-CA-	
39	BNL12	4l --C-C-G-TC-G-TTAT-G-TGT-T-CA-	
226	BE95	5a -TC-C-T-G-C-T-AGTT-CCTAC-A-TG-T-T-A-	
227	HK2	6a --C-C-AAC-A-TCTTACCTACG-GT-A	
228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> --C-C-ACA-A-C-A-AATT-CAAG-G-T-T-A-C	
43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> --C-T-AACA-A-C-GGCG-TTATAC-AAGT-T-C-G	
47	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> --C-C-CAC-T-C-C-ACTAA-CTATGCT-AAGT-T-G	
51	NE98	10a -----CT-ACA-A-AG-C-GGCTGG-GTAC-T-TG-T-C-A-C	

13/74

Fig. 1M

SEQ ID	NO	601	650
208	HCV-1	1a TACCACTCACCAATGATTGCCCTAACTCGAGTATTGTGTACGAGGCGGC	
209	HCV-J	1b -----T-----G--C--C---T-C-----A-----T-----A--	
210	HC-G9	1c -----T-----C-----TG--TCCG-----A---A	
3	BNL1	1d --T--T-----C--C--TT-C-----C--CA-C--T--AT--A	
7	BNL2	1d --T--TC-----C--TT-C-----C--CA-C--T--AT-AG	
11	FR2	1f -----T-----C--TT-C---GGC--C--C--A--T-----AAA	
211	HC-J6	2a ---ATG--G-----C--C--A-C--TGAT--C---ACC-GGC-ACTCCA	
212	HC-J8	2b ---T--C--T-----T-A--AAC--C--CACC-GGC--CTCA-	
213	S83	2c ---ATGCCG-----C-----T-C-----T-----C--T-GGC--CTT-A	
214	NE92	2d ---ATG--A-----C---AG--AGT--C--C--C-GGC--CTCAG	
15	BNL3	2e --TATG-CA-----C--C--T-C--AAC--C--C--A-GGC-ATT--N	
17	FR4	2f ---ATG-CG--T-----C--TG-C--TGAC--C--C--C-GGC--CTCAG	
19	BNL4	2g ---ATG-CA-----C--TT-C--AAC--C--CA-C-GGC-AAT-CA	
23	BNL5	2h --TATG--G-----T-A--AGC--C-----C-GGC--CTTAA	
25	BNL6	2i ---ATG--G-----T-G--AGC--C--C--T-GGC--CTC-A	
215	NZL1	3a ---GT-C-T-----C--C--TT-C--TAGC-----T-----C-A	
216	HCV-TR	3b --TGTGC-T-----C--C--T-----TGG--C-----C-A	
217	NE48	3c ---ATAC-----C--TT-G--AGC--C--A-----T-----C-A	
218	NE274	3d ---GTGC-----C--C--T-----GGC-----C-----T-----CC-	
219	NE145	3e ---ATGC-----C--T-A--AGC--C--A--A--T-----A	
220	NE125	3f ---ATAC-T-----C--C--T-----AGC--C--C-----T-----T-A	
221	Z4	4a --T--A-----T--G--T--C-----A--C--T--A--T-A	
222	Z1	4b --T--T-----A-C--C--A-----A--A	
223	GB358	4c --T--A-----C-----G-----C--A-----A-C-A	
224	DK13	4d -----T-----C-----G-----C--A--C--T--AA-C-A	
225	GB809	4e --T--A-----C--C-----G--TG-----C--A-----A-C-A	
29	BNL7	4k -----T-----G--T--A--C--A-----T-----C-A	
31	BNL8	4k -----C-----G-----C--A--T-----C-A	
33	BNL9	4k --T--TA-----C--C-----G--T--A--C--A-----T-----C-A	
35	BNL10	4k -----T-----C-----G--T--A--C--A-----T-----C-A	
37	BNL11	4k -----T-----C-----G--T--A--C--A-----TT-----C-A	
39	BNL12	4l -----C--C-----G-----C--C--A-----T-----T-C-A	
226	BE95	5a --T--T--T-----A-----TTCC--A--C--T-----A-A	
227	HK2	6a -----TC-----A-----C-----C--C--C-----CTG-----A	
228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> -----TC-T-----C--T-G--AAC--C--C--T-TT-----A	
43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> -----TC-----C--C-----C--AGC--C--C--T--T-----A	
47	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> --T--TC-A-----C-----C--TAGC--C-----T-----AA	
51	NE98	10a ---ATG--A--T--C--C--AG--GGT-----C-----T-----C-G	

14/74

Fig. 1N

SEQ ID NO	651	700
208 HCV-1	1a CGATGCCATCCTGCACACTCCGGGTGCGTCCCTGCGTTCGTGAGGGCA	
209 HCV-J	1b G-CATG---A-----C--C-----G--C-----C--G---A-T-	
210 HC-G9	1c GA-CCTG---A---TCTG--C---T--G--C-A---A--C-----	
3 BNL1	1d --G-ATG---A---TAC--A-----G--C-----G-----AT-	
7 BNL2	1d T-G-ATG---T---G-C-A---T--G--C-----G-----AA--	
11 FR2	1f G-CAT-----T---G-T---N--G-C---A-A-G---A-----	
211 HC-J6	2a G-C---TG---C---GTC--C-----G---AGAAA-T---G-	
212 HC-J8	2b T--C--AG-T--C--TCT---T--A-----A--T-AGAA---TAATG	
213 S83	2c A-GA--AG-G--T--T---T--A-----T-AG---ACC-C--	
214 NE92	2d G-----TG-T--T---GTC--C-----T-----T-AGGAGA-----	
15 BNL3	2e G--C--GG-G--T--TGT---T--A--T-----C---AGAA-AGCTC-G	
17 FR4	2f G--C--GG-G--C--TGT---T--A--T-----C--T-AGA-GTCA--T-	
19 BNL4	2g G-GC--GG-G--T--TGT---T--A--T-----G--T-AGTTGC-----	
23 BNL5	2h G-----TG-G--T---GTC--T--A--T--T--A--T-AGA-GC-CCAA-	
25 BNL6	2i G--G---G---T---GTC--T--A--T--T--C--T-AGT-GA---A--	
215 NZL1	3a T----T---T-----A--C--C--T--A-----T--C-AG--C-----	
216 HCV-TR	3b A----TG---T-----TTA--C--A-----G--C-----CACAACC-----	
217 NE48	3c -C---T---T-----TTG--C--T-----A--C-----C-AAA-CAAT-	
218 NE274	3d T--A-T---T-----TTG--A--T--T--G--C-----AATCA-----	
219 NE145	3e A----TG-----TG--T--T-----T--C-----G-AGA-C-----	
220 NE125	3f TA---T-----TG--C--C--T--G--C---AC---C-----T-	
221 Z4	4a -C--CA-----A---TTG-----A--C--T--GATGACT--G-	
222 Z1	4b GC-CCA-----A---TTG--A-----T-----C--T--G--GAC--AG-	
223 GB358	4c GC-CCA-----A---CTC--A-----TT-A--C-----GA-G-TT--G-	
224 DK13	4d TT-CCA-----T-A--CTC-----A-----T-----GA-G--A--G-	
225 GB809	4e -A--CA-----T-A--CTC--A-----A--C--T--GAAGACC--G-	
29 BNL7	4k -C--CA-----T-----CTC--A--T-----G--C-----GA-A-----G-	
31 BNL8	4k -C-CCA-----T-----CT--A--T-----G--C-----GA-AACT--G-	
33 BNL9	4k -C--CA-----T-----TCTC--A--T-----G--C-----GA-A-T---G-	
35 BNL10	4k -C--CA-----T-----AGCACT--A--T-----G--C-----GA-A-T---G-	
37 BNL11	4k -C--CA-----T-----CT--A--A-----G--C-----GAAA-----A-	
39 BNL12	4l -C--CA-----T-A--CTA--A-----T--A--C--T--GAAGACT--G-	
226 BE95	5a TA-CCTG-----A---G-A--T--T-----G-----T--CATGACA--T-	
227 HK2	6a T-C-ATG---T-----TTG--T--A---T-G-----T--GA-G-TC-ATG	
228 FR1	<u>9a</u> GACCATG--A-----TCT--A--T--T-----A--TA-CAAG-C---G-	
43 VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> GACACTG--TT-----TTG--T-----T--A-----T--GAAGRT-RA--	
47 VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> T-GCATG-----TCTC-----T-----C-----GAAGACC-----	
51 NE98	10a G---ATT-----C---TTA--T--C--T-----C-----A--CTCT-----	

15/74

Fig. 10

SEQ ID	NO	701	750
208	HCV-1	1a ACGCCTCGAGGTGTTGGGTGGCGATGACCCCTACGGTGGCCACCAGGGAT	
209	HCV-J	1b -TTT---CC-T--C----A---C-C--T--C---C-C--GG----A-C	
210	HC-G9	1c -----CT-CC-T-GT--C--C--A---G-----	
3	BNL1	1d --CATCTCC-C--C--A----C-C----C---C-T--GGT--AAA-Y	
7	BNL2	1d --T-T--TC-T--C--A--C-RC-C----C---C-T--GGT--AA--C	
11	FR2	1f -TAT---CC-T--C----AC--C-C----C---C-C--AG-GC--ATC	
211	HC-J6	2a -TA-A--TC---C---A-AC--G-CT-A--G-AT-----GTGCA-C-G	
212	HC-J8	2b G-A---T-CAT--C---A-ACAAG-A--A-C-AC-----TGTG-AAC-C	
213	S83	2c ---T---TC-A-----C-G-TG---C-ATC-C---TA--TC-A	
214	NE92	2d --ATA--CC-C----A-AC--G-TT-G--C-ATA-A--TGTG--CC-A	
15	BNL3	2e GTCGG-TCCAC-----A-CC---CT-G--C-ACA-A--GTG--CA-A	
17	FR4	2f -TAGGA-CTTC-----ACA--G-CT-G--C-AC-----TGTG--CCGA	
19	BNL4	2g -TAAG--CC---C--A-AC--G-C--T--C-AC-----TGTG-ACC-G	
23	BNL5	2h -TCAG--TC-C--C--A-AC-TG---A-C-AT-----GTG--CC-A	
25	BNL6	2i --A---CC-C--C--A-AC--G-C-----ACA-C--TGTG--CC-A	
215	NZL1	3a -TA-A--T-C---C---ACCC-AG---A----A----AGT----T-C	
216	HCV-TR	3b --CAA--ATCA--C---ACAA--G-CT-AA-G-----GTT---ACC	
217	NE48	3c --A-A--C---C--A-AC--G----T-G--A----GGT---TC-C	
218	NE274	3d --T-----CAA--C---A-TC--G--G-A--A-----GGTT-A-T-C	
219	NE145	3e --A-A--GA--C---ACCC--GC---A-A-----AGT---AT-C	
220	NE125	3f --CAG--A----C---AC-C-AG-A--A-G--A-----TGT--AAC--	
221	Z4	4a --A-A--C-T--C---AC-C--G----A----A----TGT-GCAC-C	
222	Z1	4b -TA-T--TC-C--C----C-CT-----C-T-----G-GCCCT--	
223	GB358	4c -TCAG--AC-C--C-----CC-C--T-C-C---GG-GCCTT-C	
224	DK13	4d --AAG--T-CA--C----T-TC-C-----C-C---TG-GCAAC--	
225	GB809	4e --CAG--C-----CC-C--T-C-A-----GT-GCCTT-C	
29	BNL7	4k -TCAG--AC-T--C----A-CC-T-----C-C--AG-GCCAT-C	
31	BNL8	4k -TCAG--AC-T--C-----CC-T-----C-C--AG-GCCAT-C	
33	BNL9	4k -TCAG-----T-C-----CC-T-----CA-C--AG-GCCAT-C	
35	BNL10	4k --CAG--AC-C--C-----CC-T-----C-C--AG-GCCAT-C	
37	BNL11	4k -TCAT--AC-C--C-----CC-T-----C-C--AG-GCCAT-C	
39	BNL12	4l --A-T--C-C--C-----CT-A--A-----C-----G-GCCATA	
226	BE95	5a -T-TGAGT--A--C----CCAA--T-----AC--T-AG--CC-AGC	
227	HK2	6a -TCGG--C-CC-----CAT--TG-----C-CC-----TACCAA--	
228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> -T-AG--AC-A----C-CC-TG-CT---C--CT-A---GT-CCCA-C	
43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> -TCAA--CC---C-----CA-GCCT---G--CC---AGTGCC-A-C	
47	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> --CTGA-C-A----C--T--GCCT---G--AT---GGTGCA-A--	
51	NE98	10a -TA-A--A--A--C---A-CC-TG---G---Y--C--C---GTG-A-TCG	

16/74

Fig. 1P

SEQ ID	NO	751	800
208	HCV-1	1a GGCAAACCTCCCCGCGACGCAGCTTCGACGTACATCGATCTGCTTGTCGG	
209	HCV-J	1b A---GCA----A-C---ACAA-A----C---G----T----C---T--	
210	HC-G9	1c TCGCGCG-----TC-GTG--G---G----GTG----CTC-A-----	
3	BNL1	1d -CT-GTG-----A-TR--GCAA-C-----G----CT-----T--	
7	BNL2	1d -CT--TG----TA-TG--GCAA-C-----C--TG----CT----G--T--	
11	FR2	1f -CG--CGCT---ATCGATG--G-G----G----C--C--C--G--	
211	HC-J6	2a CC-GGCGC--T-A--CA-GGCT-A--GACG----T--CA--G----GAT	
212	HC-J8	2b C--GGTGCCT-A-TCGTAGC--G--ACA--G--CA--A-C--AAT	
213	S83	2c CCTGGCGCT-T-A-T-A-GGC--G--GCA-----A-CA-C--GAT	
214	NE92	2d CCTGGTGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACG--T--T--ACCA-CA-T-C	
15	BNL3	2e CCTGGTGCT-T-A-C-A-GGA--G--GGCA-G--T--GCCG-C--GAT	
17	FR4	2f CCTGGTGCT-T-A-T-GAGGT--G--GGC-----T--ACCA-C--GAT	
19	BNL4	2g CC-GGCGC--T-A-T-G-GGCT-G--GACG-----T--CACCA-C--GAT	
23	BNL5	2h CCTGGCGCG-T-A-C-G-GGTT-G--GACG-----T--CACCA-C--T-C	
25	BNL6	2i CCTGGCGCG-TTA-C-A-GGC--G--GACA--T--T--CA-CA-----C	
215	NZL1	3a -T-GG-GCAA-TA-TG-TTC-A-A-CA-----TG-G--C--AT-A--A--	
216	HCV-TR	3b CTTGGCG-GA--A-CG--TC-A-C--ACC--TG-G--A--G--A--	
217	NE48	3c -T-GGTGCGA--A-CG-ATC-A-C--CG-G--G-----G--G--	
218	NE274	3d -CTGGCGCGA--A-TG-ATC-A-C--CA-----TG-G-----G--G--	
219	NE145	3e -CTGGTGCAA-GA--G-TTCCG-A--CG-A--G-G--T--A-----A--	
220	NE125	3f CCTGGCGCAGT-A-CG-ATCAA-C--CA-G--TG-G--T--A-G--G--	
221	Z4	4a CCGGGCGCT--GCTTGTA-TC-T-C--G--A--TG-G--CT-AA-G--A--	
222	Z1	4b CC---CGCA--GTTAGA-TCCA-G--CA-G--TG-A--C---A-G--G--	
223	GB358	4c AT-GGCGCT--GCTTGATCC--C--GA---TG-G-----A-G--A--	
224	DK13	4d CTG--TGCT--GCTTGTA-TCTT-GA-----G-G-----A-G--G--	
225	GB809	4e -T-GGTGCT--GCTCGA--CCT-G--G--C--TG-G--C--A-G--A--	
29	BNL7	4k AT-GGCGCG--ACTTGTA-TCT--A--GA-----TG-G--CT--A-G--G--	
31	BNL8	4k AT-GGCGCA--GCTTGTA-TCT--G--GA-----TG-G-----A-G--G--	
33	BNL9	4k AT-GGCGCA--GCTTGTA-TCCT-G--GA-----TG-G-----A-G--G--	
35	BNL10	4k AC-GCGCG--GCTTGTA-TCC--G--GA-----TG-G-----A-G--G--	
37	BNL11	4k AT-GGCGCG--ACTTGTA-TCT--A--GA-----TG-G-----G--A-G--G--	
39	BNL12	4l CTTTCGGCT--ACTT-T-TCCG-A--G--G--TG-G-----A-G--G--	
226	BE95	5a CT-GG-GCAGT-A--G-T-CT-----GA-AGC-G-T--CTAC--A-CG--	
227	HK2	6a -CTTCCACG-----A---GGAT-C--CA-G--TG-G-----T----CG--	
228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> TCATC-G-G--AATCCACGG-T----C--A---G-A--C--C--C--T--	
43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> -CGTCTACG--A-TC--CGG-T-C--CAA--TG-G--CA-CA-G--G--	
47	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> -CGTCGG-GT--ATC-G-GGTG-C--CGAG---G-G--C--CT-G--G--	
51	NE98	10a CC-TGCGC-G--A-CG-CTCT--C--CACG---G-G--A--A-G--G--	

17/74

Fig. 1Q

SEQ ID	NO	801	850
208	HCV-1	1a GAGCGCCACCCCTCTGTTGGCCCTCTACGTGGGGACCTATGCGGGTCTG	
209	HCV-J	1b -GCG--TG-T-----C--TA-G----T----T--C----A--C-	
210	HC-G9	1c -GC---TG-GT-----TA-G--T--A-----C--CA	
3	BNL1	1d -G-NN----GT-----C--TA-G-----R-----T-----	
7	BNL2	1d --CA---G-GT-TC---C--TA-G-----C-----A--C-	
11	FR2	1f -GCA---GTGT---C--A---A-G---A-T-----T--T---GGC-	
211	HC-J6	2a -TC-----G-----C--C--T--T-----C-----TGGG-	
212	HC-J8	2b -GCA--T--GGC--C-----T-G--T-----A--TG-G-----G-C-	
213	S83	2c -TCT--T--GG-----T-----T-----G-G--T--CG-GC	
214	NE92	2d ATC---T--GT-T--C--T-----G--A-A--A-----G--T--CG-G-	
15	BNL3	2e -TC-----C--T-----G-----A--TG-G-----CG-A-	
17	FR4	2f -TC-----C--T-----A--A-A-----CG-----	
19	BNL4	2g -GT-----T--G-----T--A-----A-C-----G-G--T--CG-G-	
23	BNL5	2h -TCT--T--G-----C--A--TT-G--T-----C--T-C-----CG-A-	
25	BNL6	2i -TC-----GT-----C--T-----T-G--T-----	
215	NZL1	3a CGCG-----GA-G--C--T--G-----T--TA-G--T--G--	
216	HCV-TR	3b CGCACGACAA--G-----G--G-----C-----GCT-T----G--	
217	NE48	3c T-CG--T--AT-G-----A--T-----C--T-----T-----G-A-	
218	NE274	3d AGCT--T--GT-G--C--C--G--G--T--T--C--TA-G--T--AG-C-	
219	NE145	3e C--T-----T--G--C--C--G-----T--C--T-----T-----G-C-	
220	NE125	3f TGCA-----G--G-----A--A-----T--T--A--TT-G-----G--	
221	Z4	4a CGCG-----TT-G-----T-----T--T-----C-----AGG--	
222	Z1	4b TGCG--T--TA-G-----C--T-----A-T--A--T--G--T--AGGC-	
223	GB358	4c TGC---T--TGCG--C--C--T--T-----A-C--A-----G-----TGGC-	
224	DK13	4d CG-----T-----C--C-----A-C--A-----G-G--T--GG--	
225	GB809	4e TGCT-----G-G--C--C-----C--C-----G-----TGGCT	
29	BNL7	4k -GC-----TG-T-----A-----T-----A-C-----TT-R--T--YGGCT	
31	BNL8	4k -GCT-----TG-T--C--A-----T-----A-C-----TT-G--T--CGGCT	
33	BNL9	4k -GCG-----TG-----A-----T-----A-C-----TT-G--T--CGG--	
35	BNL10	4k AGCT-----TG-T-----A-----T-----A-C-----YT-G--T--CGGCT	
37	BNL11	4k -GCT-----TG-T-----A-----T-----A-C-----T--G-----TGGCT	
39	BNL12	4l TGCA--T-----A-CG--T-----T--A-----C-----GG--	
226	BE95	5a AG-G--TG-----C--C--GT-A-----A--A--GCG--T---G-AC	
227	HK2	6a CGC---AGTGG-T--C--AT---G--A-C-----G--T--C--C	
228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> -GCA--GG-AT-T-----A-G---A-C--A-----C--T--TAGCA	
43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> CGCT---G-GT-----A--TA-G--T-----G-----GGCC	
47	VN12	<u>7a</u> <u>9a</u> TGCT--TG-GT---C--T--A-G-----C--T-----TGGGC	
51	NE98	10a RGCG-----A--C--A--T-----A--A-----T--T--AG-GC	

18/74

Fig. 1R

SEQ ID NO	851	900
208 HCV-1	1a TCTTTCTTGTGGCCAACTGTTCACCTCTCTCCCAGGCGCCACTGGACG	
209 HCV-J	1b -T----C---TC---G-----A--TC-C--GT-TGA---	
210 HC-G9	1c -----C-----T-----GA-C-----A-----T-----	
3 BNL1	1d -----C---C-CT-----G-A-----T-A---C-CATG---CAT--A	
7 BNL2	1d -----C-----G-A-----T-A---C-CTTGT---CAT--A	
11 FR2	1f -----C---C-T---G---T-----A-GT-C---G---T-----	
211 HC-J6	2a -GA-G---CA-C---GA-----TTG---G--ACA--A-----TTT	
212 HC-J8	2b -GA-GA---C-ATCG---GGCT---TGG-A---A---ACAA-----AACTTC	
213 S83	2c -GA-G---G-C---CT---GG-CG---GT-G-G---G---ACAA-A---TAC-TTT	
214 NE92	2d -GA-GT-G-CTTCT---G-C---T-A---G---CA---AT---TAA-TTT	
15 BNL3	2e -GA-GA-A-CT-CA---GGCT---T-G-GG-A---G-A-----T-ACTTC	
17 FR4	2f -GA-GA-A-CA-CG---G-TGC-GT-G---A---GCAATA---TACTTTT	
19 BNL4	2g -GA-GA-A-CT-CT---GG-TG---TTG---G---GCAA-AT---AACTTT	
23 BNL5	2h -GA-GT-G---TCT---T-T---TGA---C---TCA---A---ATCTTC	
215 NZL1	3a -----C---G---A---GCC-----G---AGA---TC-A---TCAA---	
216 HCV-TR	3b -G-----G---A---GC-----AGA---TC-C---AC---C	
217 NE48	3c -T---C---C---A---A---GCA-----A---AGA---C-A---CA---A	
218 NE274	3d -----CT-G---G---A---GGCT-----AGA---TC-T-AG---AAC---	
219 NE145	3e -----C-----G---G---GGCC---T---A---AGG---TC-T---T---TAC---T	
220 NE125	3f -T---C-----G-----GC-----T---AGAG-TC---AA---T-AT---C	
221 Z4	4a C---C---GA-G---G---GA---A---T---TCGG---GC-T-----C	
222 Z1	4b -----C---A---G-----GA---CGA---GC-C---G-----C	
223 GB358	4c -A---T-G---T---T---GA---T-T---CAG---GC-----T	
224 DK13	4d -G---CT-G-----T-----CAA---TC-C-----C	
225 GB809	4e -A---CT-G---A---A-----CAA---GC-A-----	
29 BNL7	4k -G---C---A-----T---GA---T-T---CGA---A-----T	
31 BNL8	4k -G---CT-G---T---T---GA---TT-T---CGA---AC-A-----T	
33 BNL9	4k CG---CT-G---T---T---GA---T-T---CGA---AC-----C	
35 BNL10	4k -G---CT-G---T---T---GA---T-T---YCAG---TC-----T	
37 BNL11	4k -G---C---G---T---T---GA---T-T---CGA---AC-----T	
39 BNL12	41 C---C---A---G---G---GA-----CAG---GC-T-----T	
226 BE95	5a -A---CT-G---A-----A-----ATAGG---TC-C-AG---GCT---	
227 HK2	6a -----T-G-CG---A-----A-----TCAG---C-C---T---T-----T	
228 FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> -AA-CT-G---A---G---G---T---T---T---AGG---T-A-TA---TCA-GTT	
43 VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> -T---C---C---T---A---G---C-----GC---AGG---TC---ATG---TCA-GTT	
47 VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> -----C---T---G---GT-----G---AGA-----ATGT-TGA---TC	
51 NE98	10a -A-----Y---G---GGG---T-A-GGAGA-ATC-C-AG---T-----T	

19/74

Fig. 1S

SEQ ID		
NO	901	950
208	HCV-1	1a ACGCAAGGTTGCAATTGCTCTATCTATCCGGCCATATAACGGGTACCG
209	HCV-J	1b GTA-----A-----A-----CG---T-A-----
210	HC-G9	1c -----AC-----C-----C-A-----G-G-A-----T--
3	BNL1	1d -----G-AG-----C-----A---
7	BNL2	1d --A--G-AG-----C-----A---
11	FR2	1f GT---G-AC--T---T--C---T---CT-T---C-----C-----
211	HC-J6	2a GT-----AC-----C-----C---T--TACCC-C-T-A-----
212	HC-J8	2b --C---AG-----C---T---C-----C-AA---T---C---C-C-C-T--
213	S83	2c GTC--G-AA-----C---T---C---A-C---G-----GC---T-----A--
214	NE92	2d GTC--G-AC-----C---T---C---A-C---A-----C---C---T---A---T--
15	BNL3	2e GTC--G-AA-----C---A-C---A-----C---T---A-----T--
17	FR4	2f GTC--G-AA-----C---A-C---A-----C---A---A---T--
19	BNL4	2g T-C---G-A-----T---C---
23	BNL5	2h GTC--G-A-----C-----G---A
215	NZL1	3a GTC--GACC--T---C-----GC-G-C-A-----C-TT-A---A---T--
216	HCV-TR	3b GT---GACG-----C-----G---A-C---A-----G-TT-A---A---T--
217	NE48	3c GTT---GCA-----C-----AC-G-C-A---T---G-TT-A-----T--
218	NE274	3d GT---GACC-----AC-G-C---T---T---C---T-A---A---A-
219	NE145	3e GTC--GACC-----C-----GT-G-C-A-----C---A---A---T--
220	NE125	3f GTC--GTTG-----AC-A-C---A---C---T---A---A---T-A
221	Z4	4a -----G-AG-----T---C-----CA-T-----C---C---C---A-
222	Z1	4b --C---G-A-----C-----C-----T---T---CG-CT-----C---A-
223	GB358	4c -----G-AC-----T---C-----CG-G---G---CG-T-----C---A-
224	DK13	4d --C---AC-----T---C-----CA-A---A---C---A---A---A-
225	GB809	4e --C---G-AC--T-----T---C-----CG-A---G-----T-----C---T--
29	BNL7	4k --T---A-----T---C---
31	BNL8	4k G-C---G-A-----T---
33	BNL9	4k --C---A-----C-----C---
35	BNL10	4k --C---G-A-----T---C---
37	BNL11	4k --C---G-AA-----T---C---
39	BNL12	4l GTC---AC-----C---T---C---
226	BE95	5a GT---GAAC-----C---T---C---T---CAGT-----G-T---C---C-----
227	HK2	6a GT-----AC-----C-----C-----A-A-----CG-C---C---C---A-
228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> --C---G-A---T---C-----NA-CN-T-----CG-C-----A---A-
43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> GTC--G-AG--T---C---T---C-----CA-A---G-----C---T---A---
47	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> G-C---G-AC-----C---T---C-----G-A-----C---C---T---G-----
51	NE98	10a GTC--G-AC-----C---T---C---

20/74

Fig. 1T

SEQ ID	NO	951	957
	208	HCV-1	1a CATGGCA
	209	HCV-J	1b -----T
	210	HC-G9	1c A-----T
	11	FR2	1f NNNNNNN
	211	HC-J6	2a -----G
	212	HC-J8	2b -----
	213	S83	2c -----T
	214	NE92	2d G-----G
	15	BNL3	2e -----G
	17	FR4	2f A----NN
	215	NZL1	3a A-----T
	216	HCV-TR	3b T-----G
	217	NE48	3c G-----T
	218	NE274	3d G-----T
	219	NE145	3e -----
	220	NE125	3f T-----T
	221	Z4	4a G-----G
	222	Z1	4b G-----C
	223	GB358	4c G-----
	224	DK13	4d A-----T
	225	GB809	4e G-----T
	226	BE95	5a G-----
	227	HK2	6a G-----T
	228	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u> G-----
	43	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u> A-----
	47	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u> G-----G

21/74

Fig. 2A

SEQ ID NO				
229	HCV1	1a	1	50
230	HCV-J	1b	MSTNPKPQKKNKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATR	
2	BNL1	1d	-----R-T-----	
6	BNL2	1d	-----R-T-----XXXXX-----X-----	
10	CAM1078	1e	-----R-T-----X-----	
12	FR2	1f	-----R-T-----V-----A-----	
231	HCJ6	2a	-----R-T-----	
232	HCJ8	2b	-----R-T-----	
233	CH610	2c	-----R-T-----	
234	NE92	2d	-----R-T-----	
14	BNL3	2e	-----R-T-----	
18	FR4	2f	-----R-T-----P-----	
235	HCVTR	3b	---L---RQT---L---N-----V-----V-----	
236	DK13	4d	-----R-T-----M-----	
237	CAM600	4e	-----R-T-----M-----	
238	GB809	4e	-----L-R-T-----M-----	
28	BNL7	4k	-----R-T-----M-----	
239	BE95	5a	-----R-T-----M-----	
240	HK2	6a	---L---R-T-----T-----	
42	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u>	---L---R-T-----M-----	
44	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u>	---L---R-T-----I-----	
46	VN13	<u>7a</u> <u>8b</u>	---L---R-T-----	
48	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u>	---L---R-T-----M-----	
50	NE98	10a	---L---R-T-----X-----V-----Q-----V-----	

22/74

Fig. 2B

SEQ ID NO		51	100
229	HCV1	1a	KTSERSQPRGRRQQPIPKARRPEGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLLSP
230	HCV-J	1b	-----M-----
2	BNL1	1d	-----X-X-S-----X-----
6	BNL2	1d	-----D-----QSD-XX-H-----
10	CAM1078	1e	-----E-----
12	FR2	1f	-----S-----A-----
231	HCJ6	2a	-----D-ST-KS-GK-----L-----
232	HCJ8	2b	-----D-ST-KS-GK-----
233	CH610	2c	-----D-TT-KS-GR-----L-----
234	NE92	2d	-----D-T-KS-GK-----L-----
14	BNL3	2e	-----D-XAT-S-GR-----L-----
18	FR4	2f	-----D-AT-KS-GR-----L-----
235	HCVTR	3b	-----KQ-HL-----SR-S-----K---L-----
236	DK13	4d	-----QL-S-----
237	CAM600	4e	-----T-S-----
238	GB809	4e	-----S-S-----
28	BNL7	4k	-----S-S-----X-----
239	BE95	5a	-----Q-T-S-G-----A-L-----
240	HK2	6a	-----Q-Q-H-----
42	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u>	-----V-Q-T-S-G-----
44	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u>	-----V-HQT-----
46	VN13	<u>7a</u> <u>8b</u>	-----V-HQT-----
48	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u>	-----A-----V-QNQ-----
50	NE98	10a	-----S-----R-T-S-----

23/74

Fig. 2C

SEQ NO	ID	101	150
229	HCV1	1a	RGSRPSWGPTDPRRRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGGAARA
230	HCV-J	1b	-----
2	BNL1	1d	-----N---
6	BNL2	1d	-----
12	FR2	1f	-----N-----S-T
231	HC-J6	2a	-----N---H---V-----V-----V-----
232	HC-J8	2b	-----T-----H-----R-----I-----V-----V-----V-----
233	CH610	2c	-----H-----V-----V-----V-----V-----
234	NE92	2d	-----H-----V-----V-----V-----V-----
14	BNL3	2e	-----XX-----X-V-----V--X-----
18	FR4	2f	-----N---H-----X-----V-----V-----V-----
235	HCV-TR	3b	-----N-----F-----V-----V-----
241	GB116	4c	-----V-----V-----
236	DK13	4d	-----N-----V-----V-----V-----
237	CAM600	4e	-X--X---N---X-----V-----V-----
238	GB809	4e	-----N-----V-----V-----
242	G22	4f	-----V-----V-----
243	GB549	4g	-----V-----V-----
244	GB438	4h	-----V-----V-----
28	BNL7	4k	-----N-----
239	BE95	5a	-----N---N---K-----G-I---V-----
240	HK2	6a	-----H---N-----V-----V-A-----
42	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u>	-----N---N-----XXL-----VL-G-----V-A-----
44	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u>	-----N---N-----V-----X-----V-X-----
46	VN13	<u>7a</u> <u>8b</u>	X---N---N---X-----XX-----IE--
48	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u>	-----D-X-N---X-----E---V-----V-AE
50	NE98	10a	-----N-----

24/74

Fig. 2D

SEQ ID	NO	151	200
229	HCV1	1a	LAHGVRVLEDGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAYQVRNSTGL
230	HCV-J	1b	-----I-----E---VS-I
2	BNL1	1d	-----XT-HE---AS-V
6	BNL2	1d	-----F-----TT-HE---AS-V
12	FR2	1f	-X-----XG---XXXXX---X---XX---X-----T---E-HST-DG
231	HC-J6	2a	-----F-----I-T-V--AE-K-ISTG
232	HC-J8	2b	-----I-----V--V--VE---ISSS
233	CH610	2c	-----I-----S-----IS--V--VE-K-TSTS
234	NE92	2d	-----I-----I--V-GL--K-TSSS
14	BNL3	2e	--X-----I--X-----X-----V--V-XVE-K-TSQA
18	FR4	2f	-----I-----I--V--I--K-NSHF
20	BNL4	2g	-----V-----V--V--K-TSTM
24	BNL5	2h	-----I-----V--K-TSHS
26	BNL6	2i	-----I-----I--V--V--A-RS-S
235	HCV-TR	3b	-----A-G-----F-----C---GLEYT-TS--
241	GB116	4c	-E-----AV---I-----S-----T--VNY--AS-V
236	DK13	4d	-----L-----NY--S-V
237	CAM600	4e	-----AV---I-----T--VNY--AS-I
238	GB809	4e	-----AV---I-----GVNY--AS-V
242	G22	4f	-----AV---I-----VHYH-TS-I
243	GB549	4g	-----AV---I-----QHY--IS-I
244	GB438	4h	-----AV---I-----V--R-----QHY--AS-I
30	BNL7	4k	--I-F-----INY--VS-I
32	BNL8	4k	--I-----INY--TS-I
34	BNL9	4k	--I-----INYH-TS-I
245	BNL9	4k	--I-----I--X---X-----TNY--VS-I
36	BNL10	4k	--I-----X-----TNY--VS-I
38	BNL11	4l	--I-----I-----QHY--VS-I
239	BE95	5a	-----I-----VPY--AS-I
240	HK2	6a	-----AI---I-----T---LTYG--S--
42	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u>	-----AI-----T---I--K-AS-I
44	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u>	-----XXI--X-----X---XX-X--X-----T---AHYT-KS--
48	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u>	-X-----AI---I-----X-----T---LNYA-KS--
52	NE98	10a	--I-F-----F---LT-TAGLEY--AS--

25/74

Fig. 2E

SEQ NO	ID	201	250
229	HCV-1	1a	YHVTNDCPNSSIVYEAADAILHTPGCVPCVREGNASRCWVAMPTVATRD
230	HCV-J	1b	-----S-----M-M-----S-F-----L---L-A-N
2	BNL1	1d	-----S---I--MDGM-M-Y-----D-HL---M-L---L-VKX
6	BNL2	1d	--L---S---I--MSGM--A-----N-S---MXL---L-VK-
12	FR2	1f	-----S-G-----K-I-----X---I-----I-----PL---L-A-I
231	HC-J6	2a	-M-----T-D--TWQLQA-V--V-----EKV--T---IPVS-N--VQQ
232	HC-J8	2b	-YA---S-N---TWQLT--V--L-----ENDNGTLH--IQV--N--VKh
233	CH610	2c	-M-----S-----WQLEG-V-----EQI-----PVS-N--I-Q
234	NE92	2d	-M-----Q-----WQLR--V--V-----EEK--I-----IPVS-NI-VSQ
14	BNL3	2e	-MA---S-N---WQLX--V--V-----ENSSGRFH--IPIS-NI-VSK
18	FR4	2f	-MA---A-D---WQLR--V--V-----E-S--RTF--T-VS-N--VSR
20	BNL4	2g	-MA---S-N---IWQMCG-V--V-----ELQ--K-----IPV--N--VNQ
24	BNL5	2h	-M-----S-----WQLK--V--V-----E-HQ-Q-----IPV--N--VSQ
26	BNL6	2i	-M-----S-----WQLEE-V--V-----EWKD-T-----IPV--NI-VSQ
235	HCVTR	3b	-VL---S-G-----E-V---L-----TT--Q-S--TTVST---V-T
241	GB116	4c	--I-----DYH---L---L---V--Q-----L-----APY
236	DK13	4d	-----TDYH---L-----K-T---SL-----AQH
237	CAM600	4e	--I-----A-----TENH---L-----T--Q-----L-----SPY
238	GB809	4e	--I-----A-----TDNH---L-----KT--Q-----L-----SPY
242	G22	4f	--L-----F--VHH---L-----T--Q-----L---L-APY
243	GB549	4g	-----DHH-M-L-----T--T-----PL-----APY
244	GB438	4h	-----DHH-M-L-----T--V-----IPL-----VPY
30	BNL7	4k	-Y-----DHH---L-----Q-----L-----APY
32	BNL8	4k	-----DHH---L-----T--Q-----L-----APY
34	BNL9	4k	--I-----DHH---L-----V--Q-S---L---I-APY
245	BNL9	4k	-----DHH--AL-----V--Q-----L-----APY
36	BNL10	4k	-----F--DHH---L-----K--H-----L-----APY
38	BNL11	4l	-----SDHH---L-----KT--T-----L-----API
246	GB724	4x	--I-----V--TDHH---L-----T--V-----TPV-----AVS
239	BE95	5a	-----DNL---A-----MT--V-----QI---LSAPS
240	HK2	6a	--L-----L--DAM---L---L-----VDDR-T--H-V---L-IPN
42	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u>	--L---S-N---F--ETM---L-----IKA--E---LPVS--L-VPN
44	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u>	--L-----ETL---L-----KXX-Q-----QAS--L-VPN
48	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u>	--L-----NGM---L-----KT--LTK--LSAS--L-VQN
52	NE98	10a	-M-----S-G-----G-I---L-----S--T-----IPVSX--VKS

26/74

Fig. 2F

SEQ NO	ID	251	300
229	HCV-1	1a	GKLPATQLRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLCGSVFLVGQLFTFSPPRRHWT
230	HCV-J	1b	SSI-T-TI---V----A-A---M-----S-----YE-
2	BNL1	1d	ASV-TXAI---V----XX-F---M-X-----A-----M-H-
6	BNL2	1d	ANV-TAAI---V----T-AFR---M-----LYH-
12	FR2	1f	ANA-IDEV---V----A-VF---M-I-----G-----TS-----
231	HC-J6	2a	PGALTQG--T---MV-M-----G-M-AA-M-IV--QH--F
232	HC-J8	2b	RGALTRS--T-V-MI-MA--A-----V-A-MILS-A-MV--Q--NF
233	CH610	2c	PGTLTKG--A-V-VI-M-----V-ALMIAA-AVIA--Q--TF
234	NE92	2d	PGALTG--T---TIIA--F-----I-----A-M-AS-V-II--QH-KF
14	BNL3	2e	PGALTG--AR--AV-M-----V-A-MIAA-A-IVA-K--YF
18	FR4	2f	PGALTRG--A---TI-M-----I-----A-MIAA-VAVV--QY-TF
20	BNL4	2g	PGALTRG--T---TI-MV-----I--V--A-MIAA-VVIV--QH-NF
24	BNL5	2h	PGALTRG--T---TI-A---V-----F--A-M--S-F-MI--QH-IF
26	BNL6	2i	PGAXTKG--T---II-A---F-----
235	HCVTR	3b	LGVTTASI-T-V-M---ARQ-----AF-A-----A---R---T-
241	GB116	4c	VGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----G-----M-S-Q-----
236	DK13	4d	LNA-LES---V--M--G-----I--V--G-----Q-----
237	CAM600	4e	AGA-LEP----V--M--A--M-----I-----GL-----M---Q-----
238	GB809	4e	VGA-LEP----V--M--A--V-----GL-----M---Q-----
242	G22	4f	LGA-LESM--V--M--T-----GI--A--M--R--L---
243	GB549	4g	VGA-LESM--V--M--A--V-----I-----G-----M--R-----
244	GB438	4h	LGA-L-SV-Q-V--M--A-----I--H--G--A--MVS-Q-----
30	BNL7	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I--X-XGL-----M-S-R-----
32	BNL8	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----GL-----M-S-R-----
34	BNL9	4k	IGA-LES--S-V--M--A--V-----I-----GA-----M-S-R-----
245	BNL9	4k	TAA-LES--S-V--M--A--V-----I-X--GL-----M-SXQ-----
36	BNL10	4k	IGA-LES--S-V-VM--A--V-----I-----GL-----M-S-R-----
38	BNL11	4l	LSA-LMSV--V--M--A--S-----GA-----M--Q-----
246	GB724	4x	VDA-LESF--V--M--A--V-----GA-----M---Q-----
239	BE95	5a	LGAVTAP---AV-Y-A-G-A-----A--AL-----M--YR--Q-A-
240	HK2	6a	AST---GF---V---A-A-VV--S--I-----L--A-----Q-----
42	FR1	<u>9a</u> <u>7a</u>	SSV-IHGF--V----A-AF---M-I-----II-----R-KY-QV
44	VN4	<u>7c</u> <u>8a</u>	AST-V-GF-K-V-IM--A-AF---M-----GL-----LR--M-QV
48	VN12	<u>7d</u> <u>9a</u>	ASVSIRGV-E-V----A-AF---M-----GL-----R--MYEI
52	NE98	10a	PCAATAS--T-V-MM-XA-----AL--X--G-SWRH-Q--

27/74

Fig. 2G

SEQ NO	ID	301	319
229	HCV-1	1a	TQGCNCASIYPGHHITGHRMA
230	HCV-J	1b	V-D-----VS-----
2	BNL1	1d	--E-----
6	BNL2	1d	--E-----
12	FR2	1f	V-D-----S-----XXX
231	HC-J6	2a	V-D-----T-----
232	HC-J8	2b	--E-----Q-----
233	CH610	2c	V-E-----X-----
234	NE92	2d	V-D-----
14	BNL3	2e	V-E-----
18	FR4	2f	V-E-----X-----
20	BNL4	2g	S-D-----
24	BNL5	2h	V-D-----
235	HCVTR	3b	V-T-----VS-----
241	GB116	4c	--D-----A--V-----
236	DK13	4d	--D-----T-----
237	CAM600	4e	--D-----T-----
238	GB809	4e	--D-----A-----
242	G22	4f	--E---T-----
243	GB549	4g	--D-----D-----
244	GB438	4h	--D-----V-----
30	BNL7	4k	--D-----
32	BNL8	4k	A-D-----
34	BNL9	4k	--D-----
245	BNL9	4k	--D-----
36	BNL10	4k	--E-----
38	BNL11	4l	V-D-----
246	GB724	4x	--D-----T-----
239	BE95	5a	V-N-----S--V-----
240	HK2	6a	V-D-----T--V-----
42	FR1	<u>9a7a</u>	--D-----XNX--V-----
44	VN4	<u>7c8a</u>	V-E-----T-----
48	VN12	<u>7d9a</u>	A-D-----A-----
52	NE98	10a	V-D-----

28/74

Fig. 3A

SEQ ID NO. 1 (BNL1, 1d)
ATGAGCACGAATCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGTAACACCAACCGCCGCCCTCAKGGSGTN
NNNNNNCCGGGTGGCGGTCAAGATCGTTGGAGTTACCTGTTGCCGCCAGGGGCCCCAGGNNG
GGTGTGCGCGCGACTAGGAAGACTTCCGAGCGGTACAAACCTCGTGGCAGGGCAGCAGCCTATCCCC
AAGGCTCGYCGGYCCGAGGGCAGGTCTGGGCTCAGCCGGGTATCCCTGGCCCTCTATGGCAAT
GAGGGCTCCGGGTGGCGGGNTGGCTCTGTCCCCCGCGCTCTCGGCCATTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 3 (BNL1, 1d)
GACGGCGTGAACATGCAACAGGGAACTGCCCCGGTGCTTTCTATCTTCCCTTTGCTTTC
CTGCTCTGCTTGACGGTTCCAACKACCGCTCACGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTGTATCATGTC
ACCAACGACTGTTCAACTCGAGCATCATCTATGAGATGGACGGTATGATCATGCACTACCCAGGG
TGCCTGCCCCCTGCGTTGGGAGGATAACCATCTCCGCTGCTGGATGGCGCTCACCCCCACCGCTTGC
GTCAAAAYGCTAGTGTCCCCACTRCGGCAATCGACGTCACGTCGACTTGCTTGTGGGGNNCC
ACGTTCTGTTCCGCTATGTACGTGGGRGACCTTGCGGGTCTGCTCTCCGCTGGCCAGCTATT
ACCTTTCAACCCCGCATGCAACCATACACGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 5 (BNL2, 1d)
ATGAGCACGAATCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGTAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGNTCCGGGTGGTGGTCAAGATCGTTGGAGTTACCTGTTGCCGCCAGGGGCCCCAGGTG
GGTGTGCGCGCGACCAGGAAGACTTCCGAGCGGTGCAAGCCTCGTGCACAGGGCAGCCTATCCCC
AAGGCTCGCCAGTCCGATGGCAGNNCTGGGCTCAGCCAGGGCATCCCTGGCCCTCTATGGCAAT
GAGGGCTGCGGATGGCGGGATGGCTCTGTCCCCCGCGCTCTCGGCCAGTTGGGGCCCC

SEQ ID NO. 7 (BNL2, 1d)
GACGGCGTGAACATGCAACAGGGAAATTGCGCTGGTGCTTTCTATCTTCCCTTTAGCTTT
CTGCTCTGCTTGACGGTTCCAACCTACCGCTCATGAGGTGCGCAACGCATCCGGGGTATATCATCTC
ACCAATGACTGTTCAACTCGAGCATCATCTATGAGATGAGTGGTATGATCTGCACCCCCCAGGG
TGTGTGCCCCCTGCGTTGGGAGAACAAACTCTTCTCGTGTGGATGCCRCTCACCCCCACCGCTTGC
GTCAAAAGCCTAATGTCCTACTCGGGCAATCGACGCCATGTCGACTTGCTGGTTGGGACAGCC
GCGTTCTGTTCCGCTATGTACGTGGGGGACCTCTGCGGATCCGCTTCCCTTGCTGGCCAGCTATT
ACCTTTCAACCCCGCTTGTACCATACACAGGAGTGCAACTGCTCAATC

SEQ ID NO. 9 (CAM1078, 1e)
ATGAGCACGAATCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGTAACACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGGCCCCTAGATTG
GGTGTGCGCGCAGCGCGGAAGACTTCGGAGCGGTGCAACCTCGTGGAGGGGCCAACCTATTCCC
AAGGAGCGCCGACCCGAGGGCAGGT

29/74

Fig. 3B

SEQ ID NO. 11 (FR2, 1f)
ATGAGCACGAATCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAACCAACCCACCCGGCCACAGGACGTT
AAATTCCCGGGTGGGGGGCAGATCGTGGGGAGTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAGGGTTG
GGTGTGCGCGCAGGAGAAAGACTTCCGAGGGCAGGTCTGGGCTCAGGCTGGGTACC
GACAGCCATCCTCAAGGCTCGCCACCCGAGGGCAGGTCTGGGCTCAGGCTGGGTACC
CATGGCCCTCTATGCTAACGAGGGCTGCGGATGGGCGGATGGCTCTGTCCCCCTCGCG
GCTCCCGCTCTAGCTGGGGCCCAATGACCCCCGACGTAGATCACGCAATTGGGTAGG
TCATCGATACCTAACGTGTGGCTTCGCCGATCTCATGGGTACATTCGCTCGTCGGCGC
CCCCCTAGGGGGCGTTCCAGAACCCCTGNACATGGTGTGGGCTCTGGNAGGGCGGCGTGTGATNNNN
NNNNNNNNNNNAACCTTCCNGGGTGTCTTNNCTATCTTCCCTTGGCCTACTCTTGCCTCAC
AGTCCCACCTCTGCTATGAGGCAACGGACATCATCTCACACGCTGGGTGNGTGCCTGCAT
CAACGGCAGCAGTGTATGAGGCAACGGACATCATCTCACACGCTGGGTGNGTGCCTGCAT
ACGGGAAGGCAATATCTCCGGTGTGGTACCGCTCACCCACGGCTCGCGCGGATCGCGAA
CGCTCCCATCGATGAGGTGCGGGCGTACGTGACCTCTCGTGGGGGAGCCGTGTTCTGTCAGC
CATGTACATTGGGACCTTGTGGGGCGTCTTCTCGTGGGCAATTGTTCACCTCACGTCCCC
GCGGCATTGGACGGTGCAGGACTGTAATTGTTCCATTACTCTGGCACATAACGGGCCACCGNNN
NNNN

SEQ ID NO. 13 (BNL3, 2e)
ATGAGCACAAATCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAAAGAAATACCAACCGCCGCCACAGGACGTC
AAAGTCCCGGGCGGCCAGATCGTGTGGGGAGTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAGATTG
GGTGTGCGCGCAGGAGAAAGACTTCTGAAACGGTCCCAGCCACGTGGAAGGGCGCCAGCCCATCCCT
AAAGATCGGNGNGCCACTGGCAGGTCTGGGGAGTCCAGGATATCCCTGGCCCTGTATGGGAAAC
GAGGGGCTGGCTGGCAGGATGGCTCTGCCCCAGGCTCTGCCCCCTGAGGGCTCTC

SEQ ID NO. 15 (BNL3, 2e)
ACGTGGGNTNTGCGGACCTCATGGGTACATNCCGTTGTCGGGCCCGGTGGCGGGGTNGC
CAGGGCCCTCGCGNATGGCGTGCCTGGAGGACGGGATAATTATGNAACAGGGAACCTCCC
TGGTTGCTCTTTCTATCTCTNGTGGCTCTCTGTGTCACCGTGCCTGTCTCGNGT
TGAGGTCAAAATACCAAGTCAGGCCATATGGCAACCAACGGACTGCTCCAAACAGCATCGTATG
GCAATTGGNGGACGGCGGTGCTCATGTTCTGGATGTCCTGGCAGAATAGCTCCGGTGGTT
CCACTGTTGGATCCCAGTCTGCCCCAACATAGCCGTGAGCAAAACCTGGTGTCTCACCAAGGGACT
GCGGGCACGCATTGATGCGTGTGATGTCGGCACCCTCTGCTCTGCCCCCTGTACGTGGGAGATGT
GTGCGGCGCAGTGATGATAGCTGCACAGGCTTCATCGTGGCACCGAAGCGCATTACTCGTCCA
GGAATGCAATTGCTCCATATAACCCAGGCCACATTACAGGTACATCGCATGGCG

SEQ ID NO. 17 (FR4, 2f)
ATGAGCACAAATCTAAACCTCAAAGAAAAACTAAAAGAAACACTAACCGTGCACAGGAC
GTTAAGTTCCCGGGCGGCCAGATCGTGTGGGGAGTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCAG
GTTGGGTGTGCGCGGCCAAGGAGAAAGACTTCTGAAACGGTCCCAGCCACGTGGAAAGGGCGCCAGCCC
ATCCCAAAAGATCGCGGCCACTGGCAAGTCTGGCTCTGTCCCCCGGGCTCTGCCCTCGT
ACGGGAACGAGGGCCTCGGGCTGGCAGGGTGGCTCTGTCCCCCGGGCTCTGCCCTCGT
GGGCCCCAACGACCCGGCACAGGTACCGCAACTTGGGTAGGTACATGCCATACCTCACGT
TGGCTTGSCGACCTCATGGGTACATACCTGTCGTGGCGCCCTGTGGGCGGCGTTGCCAGA
GCCCTCGCGCATGGCGTGCCTGGAGGACGGGATAATTATGCAACAGGGAACTTGTCCCCGGT
TGCTCTTTCTATCTCTGCTGGCTCTGTGATACCGTGCCTGTGCTCTGCCATACAG
GTTAAGAACAAACAGCCACTTCTACATGGCAACTAATGACTGTGCAATGACAGCATCGTGTGGCAG
CTCAGGGACGCGGTGCTCATGTTCTGGATGTCCTGGCTGTGAGCGACCTGGTGCTCTCACAGGAGGTCTGCGG
TGTTGACAGCGGTCTCGCCCAAGTGGCTGTGAGCGACCTGGTGCTCTCACAGGAGGTCTGCGG
GCTCACATTGATACATCGTGTGATGTCGGCACCTCTGCTCTGCCATACATAGGGGACCTATG
GGCGCTGTGATGATAGCAGCGCAAGTGGCGTGTCTCACCGCAATACCATACCTTTGTCCAGGAA
TGCRACTGCTCCATATAACCCAGGCCATATCACAGGACATCGAATGGNN

30/74

Fig. 3C

SEQ ID NO. 19 (BNL4, 2g)
GACGGGGTAAATTATGCAACAGGGAAATCTGCCCTGGTTGCTCTTCTCTATCTCTTGTGGCTCTT
CTGTCTTGTGTCACCGTGCCTGCTCTGCCGTGCAGGTTAAGAACACCACTGACATGGCA
ACCAATGACTGTTCAACAAACAGCATCATGGCAAAATGCAAGGGCGCGGTGCTTCATGTTCCCTGGA
TGTGTCCTGGTGAAGTTGCAGGGCAAAATAGTCGGGCTGCTGGATACCGGTCACTCCAAACGTGGCT
GTGAACCRGCCCAGGGCCCTCACTAGGGGCTGCGGACGCACATTGACACCATCGTGTGGTCGCT
ACGCTCTGTTCTGCACTCTACATCGGGGACGTGTCGTGGCGCGGTGATGATAGCTGCTCAGGGTTGTC
ATTGTCGCCGCAACATCACAACTTTCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 21 (BNL5, 2h)
ATGAGCACAAATCTAAACCTCAAAGAAAAACAAAAAGAACACTAACCGCCGCCACAGGGACGTT
AAGTTCCCGGGCGGTGGCCAGATCGTGGGGACTATACTTGTGCGCGCAGGGGCCCCCGGTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAAATCTCGCAACGGTCCCAGGCCACGTGGGAGGGGCCAGCCCATCCCT
AAAGATCGGCGCTCCACTGGCAAAATCTGGGGACGTCAGGATACCCCTGGCCCTGTATGGGAAAC
GAGGGCCITGGTTGGGAGGGATGGCTTGTCCCCCTGAGGCTC

SEQ ID NO. 23 (BNL5, 2h)
GACGGGATAAACTACGCAACAGGGAAATCTGCCCTGGTTGCTCTTCTATCTCTTGTGGCCTTG
CTATCTGCTCACTGTGCCGGCTCCGCTGTGCAGGTCAGAACACCACTCTTATATGGTG
ACCAATGATGCTCAAACAGCAGCAATGTCAGGCTTAAGGATGCTGTGCTTCACGTCCTGG
TGTGTTCCATGTGAGAGGGCACAAAATCAGTCAGGCTGCTGGATACCTGTGACACCCAAATGTGGCC
GTGAGGCCAACCTGGCGCGCTAACCGGGTTTGCAGCAGCATTGACACCCATCGTGTGGCTGCT
ACCGTCTGCTCAGTTGTATGTGGGCAACTCTGCGGCGCAGTGTGATGTTGGTCTCTCAATTTC
ATGATCTCCCTCAGCACCACATCTCGTCCAGGATTGCAACTGCTCGATA

SEQ ID NO. 25 (BNL6, 2i)
GACGGGATAAAACTATGCAACAGGGAACTGCCCTGGTTGCTCTTCTATCTCTTACTGGCCCTG
CTTCTTGTGATCACCGTGCCTGCTCTGCCGTGCAAGTTGCGAACCGCAGTGGTTCTTACATGGTG
ACCAATGATGCTCGAACAGCAGCATGTTGGCAGCTCGAGGGCCCTCTCACGTCCTGG
TGTGTTCCCTGTGAGTGGAGGGACAACACCTCCCGCTGCTGGATACCGGTACCCCTAACATCGCT
GTGAGGCCAACCTGGCGCGCTTACCAAGGGCCTGGACACATATTGACATCATTGTCGCGTCCGCC
ACGTTCTGCTCTGCCCTGTATGTGGG

SEQ ID NO. 27 (BNL7, 4k)
ATGAGCACGAACTCTAAACCTCAAAGAAAAACAAACGTAACACCAACCGCCGCCATGGACGTT
AAGTTCCCGGGTGGTGGCCAGATCGTGGCGAGTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCACGGTT
GGTGTGCGCGCAGACTCGGAAGACTTCGGAGCGTCGAACCTCGTGGGAGACGCCAACCTATCCCC
AAGGGCGCTGATCCGAGGGAAAGGTCTGGGACAGCCAGGATATCCATGCCCTTTACGGTAAT
GAGGGTTGGGGGGCANNATGGCTCTTGTCCCCCGCGGTCTC

SEQ ID NO. 29 (BNL7, 4k)
GACGGGATCAATTGCAACAGGGAAACCTCCCGGTGCTCTTCTATCTCTTCTTGGCACTC
CTCTCGTGCCTGACTGTCCTGCCCTCGGCCATCAACTATGCAATGTCGCGGATTTACTATGTC
ACCAATGATGCGCTGAATTCAAGCAGCATAGTGTATGAGGGCGACCATCACATCTGCACCTCCAGGT
TGCCTGGGGCTGAGAGAGGGGAATCAGTCACGTTGCTGGTAGCCCTAACCGTCGCA
GCGCCATACATCGCGCGCACTTGAGTCTACGGAGTCATGTGGACTTGTGATGGGGGGGCC
ACTGTTGTTGAGCCCTTACATCGGGGATTTGTGGYGGCTGTTCTAGTCGGTCAGATGTTC
TCTTCCGACCAAGGGCGCACTGGACTACTCAAGATTGCAATTGTTCCATC

31/74

Fig. 3D

SEQ ID NO 31 (BNL8, 4k)
GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTTCCGGTTGCTCTTTCTATCTCCTCTGGCACTC
CTCTCGCTGACTGTCGGCAACTAACATACCGAACACACTCGGGCATCTACACAGTC
ACCAATGACTGCCGAACTCGAGCATAGTTATGAGGCCGACCAACATCTGCACCTCCAGGT
TGCCTGCCCTGCGTGAGAACTGGGAATCAGTCACGGTCTGGGTGGCCCTACTCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCCACCCGCTTGAGTCCTGCGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGCTGCC
ACTGTTGCTCAGCCCTTACATCGGGGATTGTTGTCAGGTTGGTCAAGATGTT
TCTTCCGACCACGACGCCACTGGACTGCCAGGATTGCAATTGTTCTATC

SEQ ID NO. 33 (BNL9, 4k)
GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAACTTCCGGTTGCTCCTTTCTATCTCCTCTGGCACTT
CTCTCGCTGACTGTCGGCAACTAACATACCGAACACACTCGGGCATCTACATAC
ACCAACGACTGCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTGCACCTCCAGGT
TGCCTGCCCTGCGTGAGAGTGGGAACCAAGTCACGGTCTGGGTGGCCCTAACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCCACCCGCTTGAGTCCTGCGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGCGGCC
ACTGTCGTCAGCCCTTACATCGGGGATTGTTGTCAGGTTGGTCAAGATGTT
TCTTCCGACCACGCGCCACTGGACTGCCAGGATTGCAACTGCTCCATC

SEQ ID NO. 35 (BNL10, 4k)
GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAAATTCCGGTTGCTCYTTTCTATCTCCTTYGGCACTT
CTCTCGTGTGACTGTCGGCAACTAACATACCGAACACACTCGGGCATCTACACAGTC
ACCAATGACTGCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTGCACCTCCAGGT
TGCCTGCCCTGCGTGAGAGTGGGAACCAAGTCACGGTCTGGGTGGCCCTAACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCCACCCGCTTGAGTCCTGCGAGTCATGTGGATCTGATGGTGGGGAGCTGCC
ACTGTTGTTGCTCAGCCCTTACATCGGGGATTGTTGTCAGGTTGGTCAAGATGTT
TCTTYCAGCCTCGGCCACTGGACTACCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 37 (BNL11, 4k)
GACGGGATTAATTATGCAACAGGGAYCTCCGGTTGCTCTTTCTATCTCCTCTGGCACTT
CTCTCGCTGACTGTCGGCAACTAACATACCGAACACACTCGGGCATCTACACAGTC
ACCAATGACTGCCGAATTCAAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTGCACCTCCAGGA
TGCCTGCCCTGCGTAAGAGAGGGAAATCATTACGCTGCTGGGTGGCCCTAACCCCTACCGTCGCA
GCGCCATACATCGGCCACCTGGACTCTACGGAGTCATGTGGATGTGATGGTGGGGCTGCC
ACTGTTGTTGCTCAGCCCTTACATCGGGGATCTGTCGGTGGCTGTTCTGGTCAAGATGTT
TCTTCCGACCACGCGCCACTGGACTACCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 39 (BNL12, 41)
GACGGGATCAATTATGCAACAGGGAACCTCCGGTTGCTCTTCTATCTCATCTGGCACTT
CTCTCGCTGACTGTCGGCAACTAACATACCGAACACACTCGGGCATCTACACAGTC
ACCAACGACTGCCGAACCTCAGCATAGTGTATGAGGCCGACCATCACATCTACACCCACAGGG
TGTGTACCTGCGTGAAGACTGGGAACACTTCGCGCTGCTGGGTGGCCCTAACACCTACCGTGGCC
GCGCCATACTTCGCGTCCACTTATGTCGGTACGGCGCATGTGGATCTGATGGTGGGTGCAGCT
ACCCCTACGCTGCTGCCCTACTGGAGACCTGCGGGGGTGCCTCTACTGGGGCAAGATGTT
ACCTTCCAGCCCGCGCCACTGGACTCTGGACTACCCAGGATTGCAATTGTTCCATC

SEQ ID NO. 45 (VN13, 7a)
ATGAGCACACTTCTAAACCTCAAAGAAAAACCAACGAAACACCAACCGTCGCCACAGGACGTC
AAGTTCCGGGTGGCGGTCAAGATCGTTGGAGTTACTTGTGCGCGCAGGGGCCCTCGTTG
GGTGTGCGCGCGACGAGGAAAACCTCTGAACGGTCCAGGCCAGGGTAGACGCCAACCTACCG
AAGGTGCGTACCCAAACGGGCCGTACCTGGCTCAACCCGGTACCCCTGGCTCTTATGGGAAT
GAGGGTTGTGGCTGGCGAGGGTGGCTCCGTCCCCCNCGGCTCTGCCCTAATTGGGCCCTAA
GACCCCCGGNGGGAGGTCCCACACCTGGTAAGGTCACTGATAACCTTACTTGNGGSTCGCCGAC
CTCATAGACTACATCC

32/74

Fig. 3E

SEQ ID NO. 43 (VN⁴, 7c)
ATGAGCACACTTCAAAACCCAAAGAAAAACCAAACAAACACCATCCGGCCGCCACA
GGACGTCAAGTTCCGGGTGGCGGCCAGATCGTGGTGGAGTCTACTTGCTGCCGCCAG
GGGCCCGCGCTTGGGTGTGCGCGACAGAGAAAGACTTCTGAACGGTCCCAGCCCAGAGG
TAGGCGCCAACCAATACCCAAAGTGCACCAACAGGGCGTACTGGGCCCAGCCCCGG
GTACCCCTGGGCTCTTATGGAAATGGGGCTGTGGTGGGAGGCTGGCTCTGTCCCC
CCGGCTCTGCCAACATGGGCCAACAGACCCCCGGCGGAGGTCCCGCAACTTGGG
TAAAGTCATCGACACCCCTACTGCGGCTCGCGACCTCATGGGTATATCCCTGTGAG
GCGCTCGWTGGGAGGCGTCGGCGNGCCTGGCGCATGGGTCAANGNCATCGAGGACGGNGTAA
ATTACGCAACAGNCATCTCCGGNNGCTCTATCTATCTNCTCTGGCACTTCTCGTGCC
TTACACACCAGCCCTCGCGCGCATTAACCAACAGTCTGGCTGTACCATCTACCAACGACT
GCCCAACAGCAGCAGCATCGTTATGAGGGCGAGACACTGATTTGCACTGGCTGGGTGTACCTT
GTGTGAAGRTGRACAACTCATCTCCGGTGTGGCTGGCCCTCCCGACCCCTGGCACTGGCAACG
CGTCTACGCCAGTCACCGGGTCTCCGAAACATGGACATCATGGTGGGCGTCCGGCTCTGTT
CAGCTATGTATGGGGGACCTGTGCGGGGGCTTCTCTGTGGACAGCTTACGCTCAGGC
CTCGGATGCATCAGGTGTCCAGGAGTGTAACTGTTCCATCTACACAGGCATATCACTGGACACC
GATGGCA

SEQ ID NO. 47 (VN¹², 7d)
ATGAGCACACTTCAAAACCCAAAGAAAAACCAAAGAAACACAAACCGTCGCCAATGGATGTC
AAGTTCCCGGGCGCGGTCAAGCTCGTGGTGGAGTCTACTTGTTACCGCGCAGGGGCCACGTTG
GGTGTGCGCGCGACAGGGAAAGACTTCTGGAAACGGTCCAGGCCAGGGTAGGGCCAACCAATACCC
AAGGTGCGCCAGAACCAAGGGCGAACCTGGGCTCAGGCTGGTACCCCTGGGCCCCCTTATGGGAAC
GAGGGCTGGGCTGGGCTGGCTCTGTCCCCCGTGGCTCTCGCCCGGACTGGGNCCTAAT
GACCCCCGGNGAGGTCCCGAACCTGGGTAAAGTCATCG
ACACCCCTCACTTGGGCTTCGGCGACCTCATGGAGTACATCCCTGTCGTTGGGCCCTTCT
TGGAGGCGTTGGCGCGAACCTGGNACATGGTGTCAAGGGCATCGAGGACGGGATAAAACTATGCAAC
AGGGAACTTCCCTGGTGTCTTCTCATCTCCWCTGGCACTTCTCTCGTGCCTCACCACGCC
TGCCTCCGCACTAAACTATGCAACAAAGTCTGGGTGTATCATCTAACCAATGACTGCCCAATAG
CAGCATGTGTATGGCGAAATGGCATGATCTGCATCTCCGGGTTGCGTCCCTTGCGTGAAGAC
CGGCAACCTGACCAAGTGTGGCTGCGGCCCTCCCGACATGGGGTGCAGAATGCGTGGTGT
CATCAGGGGTGCGAGCACGTCGGACCTGGTGGGCTCTGGTGGGCTGCTGCTGCTCTGCCATGTA
CGTGGGCGACTTATGCGTGGGCTTCTCTGTGGCAGTTGTACGTTACGTCAGACCCAGGATGTA
TGAGATGCCAACGGACTGCAACTGTTCCATATGCAAGGCCACATCACTGGGACCGGATGGCG

SEQ ID NO. 41 (FR1, 9a)
ATGAGCACACTTCAAAACCCAAAGAAAAACCAAAGAAACATTAACCGTCGCCCTATGGAC
GTCAGTTCCCGGGCGCGCAGATCGTGGTGGAGTTACTTGTTGCGCGCAGGGC
CCTCGTTGGGTGTGCGCGCAGGGAGAAAGACCTCCGAACGGTCCAGGCCAGGGCAGG
CGCCAGCCCATACCAAAAGGTACGCCAGGCCAGGGCGTAGCTGGGTCAACCCGGCTAC
CCTGGGCCCCCTTATGGCAACGAGGGCTGGGATGGGGGGATGGCTCTGTCCCCCGC
GGGTCTCGCTTAATTGGGGCCCCAACGACCCCCGGCGAAGGTCCCGCAACTGGGTAAAG
GTCATCGATACCCCTACATNCGGNTAGCCGACCTCATGGGTACATCCCTGTCCTAGGAGG
GCCGTTGGCGGCTGCGGCTGGCGCATGGCTTAGGGCAATCGAGGGACGGGGTCAATT
CGCAACAGGGAACTTCCCTGGTGTCTCTATCTTCCCTTAGCACTGTTATCGTGCCTCAC
TACACAGCCTCAGCAATTCAAGTCAGAACGCCCTGGGATCTACCATCTAACCAATGACTGCTC
GAACACAGCATGTTTGAGGGCGAGACCATGATCTGCATCTCCAGGGTGTGCCCCACTCATC
CAAGGGGGAAATGAGTCAGGATGTTGGCTCCCTGTCTCCCCCACCTTAGCCGTCCCCAACTCATC
AGTGCCAATCCACGGGTTGGCGACACGTAGACCTCTCGTGGGGCAGGGCATTGTTGCG
CATGTACATGGAGACCTGTGGTAGCATATTGTTGGTAGGGCAGCTTTACTTCAGGCCAA
GTACCACTCAGGTACCCAGGATTGTAATGCTCTATNAACNCTGGCCACGTACGGGACACAGGAT
GGCA

33/74

Fig. 3F

SEQ ID NO. 49 (NE98, 10a)
ATGAGCACACTTCTAAACCAAAAGAAAAACCAACCC?CCGGCCACAGGACGTT
AAGTTCCCAGGCAGGCGGTCAAGATCGTTGGAGTTACGTGCTACACGCAACGGGCCCCAGTTG
GGTGTGCGTGCAGTGCAGCAAGACTTCCGAGCGGTGCGAACCTCGCAGTAGGGGCCAACCCATCCCC
AGGGCGCGCCGAACCGAGGGCAGGTCTGGGCTCAGGGGGTACCCCTGGCCCTATATGGGAAT
GGGGCTGCGGGTGGGCAAGGGTGGCTCTGTCCCCGGCGCGCTCTC

SEQ ID NO. 51 (NE98, 10a)
GACGGAATTAAATTTCGCAACAGGGAAATTACCTGGTTGCTTTCTATCTCCTTCTGGCTTG
TTCTCATGCTTGTACACCCACAGCCGGCTGGAGTACCGTAATGCTCCGGACTCTACATGGTA
ACTAACGACTGCAGTAACGGTAGTATCGTGTATGAGGCCGGGATATTATCTCCACTTACCTGGC
TGTGTCCTGCGTACGCTTGGCAATACATCAAGATGCTGGATCCCCTGTGAGGCCYYACCGCTGCC
GTGAAGTGCCTGCGCCGCCRCCGCTCTCCGACGCACTGGGATATGATGGTGGGRGCGGCC
ACCCTATGCTCAGCTCTACGTAGGAGACCTTGTGGAGCGCTATTCTTYGGGCAAGGGGTC
TCATGGAGACATGCCAGCATGGACTGTCCAGGACTGCAACTGTTCCATC

SEQ ID NO. 53 (BNL1, 1d)
CTCGACAGTTACTGAGAACGACATCCGTACCGAGGRATCAATATACCAATGTTGTGACTTGGCCCC
CGAGGGCTCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCGAGCGGTGTACATCGGGGGCCCYCTAACCAATT
AAAAGGACAGAACACTGCGGCTACCGTGGCCAGCGGCGTGTGACTACCAAGCTGCCAA
CACCCCTGACATGCTACTTGAACGCCAGAGCGGGCTGTCGAGCTGCAAAGCTCCGGACTGCACCAT
GCTCGTGTGCGGGGATGACCTTGTGTTATCTGTGAGAGTGCAGGAGTCGAGGAAGACGCCGGA
CCTACGAGCT

SEQ ID NO. 55 (BNL2, 1d)
CTCGACAGTTACTGAGAACGACATCCGTACCGAGGRATCAATCTATCAATGTTGTGACTTGGCCCC
YGAGGGCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCGAGCGGTGTACGTCGGGGGCCCCCTAACCAATT
AAAGGGGCAAGAACACTGCGGCTATCGTGGCTAGCGGCGTGTGACCAACCAGCTGCCAA
CACCCCTGACATGCTACTTGAACGCCAGGGCGGGCTGTCGAGCTGCAAAGCTCCAGGACTGCACGAT
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTGTTATCTGTGAGAGTGCAGGAGTCGAGGAAGACGCCGGA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 57 (FR17, 1d)
CTCGACAGTTACTGAGAACGACATCCGTACCGAGGRATCAATCTACCAAGTGTGACTTGGCCCC
CGAGGGCCCGCAAGGCCATAAAGTCGCTCACCGAGCGGTGTATCGGGGGCCCCCTAACCAACTC
AAAAGGGCAGAACACTGCGGCTACCGTGGCTGCGCAGCGGCGTGTGACTACCAAGCTGCCAA
TACCCCTGACATGTTACTTGAACGCCAGGGCGGGCTGTCGAGCTGCAAAGCTCCAGGACTGCACCAT
GCTCGTGTGCGGAGACGACCTTGTGTTATCTGTGAGAGTGCAGGAGTCGAGGAAGACGCCGGA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 59 (CAM1078, 1e)

CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCTCCCGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGAACCGGTGAG
TACACCGGAATTGCCAGGACGACGGGCTTTCTTGATCAACCGCTCAATGCCGGA
GATTTGGGCGTCCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGTGTGGGTGCGAAAGGGCTTG
TGGTACTGCCGTATAGGGTCTGCGAGTGCCCCGGGAGGTCTGTAGACCGTGCACCAT
GAGCACGAACTCTAAACCTAAAGPAA^PACCAAAAGAACACCAACCGCCGCCACAGGA
CGTCAAGTTCCCGGGCGGTGGCAGATCGTTGGAGTCTACGTGCTACCGCGCAGGGG
CCCTAGATTGGGTGTGCGCGCAGCGCGGAAGACTTCTGAGCGGTGCAACCTCGTGGGAG
GCGCCAAACCTATTCCCAAGGAGCGCCSACCCGAGGGCAGGTCTGGCGCAGCCCCGGGTA
CCCCCTGGCCCCCTCTATGGTAACGAGGGTGTGGGTGGCAGGTNGGCTCTGTCCCCCTCG
GGGCTCCCGTCTAGTTGGGTCTACTGACCCCGGGCTAGGTCAACGAAATTGGGTAA
GGTCATCGATAACCTCACGTGTTGNTTCGCCGACCTCATGGGTACATACCG

34/74

Fig. 3G

SEQ ID NO. 61 (CAM1078, 1e)

CTCAACGGTCACTGAAGCTGATATCCGAACAGAGGGAGTCCATATAACCAATGCTGTGACCTGCACCC
CGAAGCACGTGTAACCATCAAGTCTTGACTGAAAGGCTGTACGTGGGGGGCCCTTGACCAATT
AAAAGGGGAGAACTGCGGCTATCGCAGATGCGCTGCCAGCGGGCTTGCACAAACCAGCTGCGGCAA
CACCCCTCACCTGCTATATCAAGGCCCTAGCAGCCTGTAGAGCTGCGCAAGCTCAGGACTGCA
CACCTCACCTGCTATATCAAGGCCCTAGCAGCCTGTAGAGCTGCGCAAGCTCAGGACTGCA
GCTCGTCTGTGGCAGCACCTGGTCGTGATCTGCGAGAGTGTAGGGACCCAGGAGGATGCGGCGAG
CCTGCGAGCC

SEQ ID NO. 63 (FR2, 1f)

NTCAACAGTCAGTGGAGGTGATATCCGTACAGAGGGAGTCCATCTACCAATGCTGTGATCTAGACCC
CGAGGGCTCGCAAGGCCATAAGGTCCCTCACAGAGGGCTTATATCGGGGGTCCCTGACCAA
AAAAGGGCAGAACTGCGGCTACCGCCGATGCCGTGCAAGCGGCGTCTGACGACTAGCTGCGGCAA
CACCCCTCACCTGTTACATAAAGGCCAGGGCAGGCGAGCCTGTGAGCTGCGAAGCTCAGGATTGCTC
GCTCGTCTGTGGCAGCACCTGGTCGTGATCTGCGAGAGTCGAGGGGNTCCANGAGGATCCGTC
NNNNNNNNNN

SEQ ID NO. 65 (FR16, 1g)

CGTAGACCGTGCACCATGAGCACGAATCTAAACCTCAAAGAAAAACCAAACGTAACATC
AACCGCCGCCACAGGACGTCAGATTCCCGGGCGGTGCCAGATCGTCGGTGGAGTTAC
CTGTTGCCGCCAGGGGGCCCTAGATTGGGTGTGCGCGCGACTAGGAAGACTTCCGAGCG
TCGCAACCTCGTGGGAGGCAGCCATATCCCAAGGCTCGCGATCCGAGGGCAGGTCC
TGGGCTCAGCCGGGTACCCCTGGCCCCCTATGGCAATGAGGGCATGGTTGGGCAGGG
TGGCTCTGTCCCCCATGGCTCCGGCTAGTTGGGCCCTTCAGACCCCCCGCGTAGG
TCGCGTAATTGGTAAGGTGATACCCCATCGACATCGGGCTTCGCGACCTCA
TACATTCCGCTGCGGCCCTAGGGGGCTTCCCAGGGCCCTGGCGAAGGCTTC
CGGGATCTACCGTCACCAACGATTGTTCAATGGGAGCATTTGTTGAGGGCGGAAGG
CATGATCAIGCATCCCCGGGTGCGTGCCTGCGTGGGAAGGTAATATCTCTCGTTG
CTGGGTACCGTTTCCCCCAGCTCGCAGCCAGGAATGCTAGCGTCCCCTCAGGCAAT
TCGGCGACACGTGCACTTGCTGTTGGGGCGGCCACACTCTGCTATGTTG
GGACCTCTGTGGTCCGTCTCTCGTGGCCACTGTTCACCTCACAWCCCGCCAGNA
CTACACAGTGCAGACTGCAATTGTTCCATCTACCCCGGCCATATAACGGG

SEQ ID NO. 67 (FR16, 1g)

NNNNNNNGTCACTGAGAGTGTATCCGTGCGAGGARTCAATTACCAATGCTGTGACCTGGCCCC
CGAGGGCTCGCTAGCCATAAAAGTCGCTCACTGAGCGGCTATATGTCGGGGGCCCTCTACCAACTC
AAAAGGACAGAACTGCGGCTATGCCGGTGCCTGCGAGCGGTGTGACTACTAGCTGCGGTA
CACCCCTCACATGCTACCTGAAAGGCCGCCGCGGCCCTGCGAGCTGCAAGCTCGGGGAATGCACA
GCTCGTGTGGCGACCTCGTCGTATCTGCAAGGTGCGGGGGTCCAGGAGGATGCTGCAAG
CCTNNNNNN

SEQ ID NO. 69 (BNL3, 2e)

CTCGACAGTCACAGAGAGAGATATAAGNACTGAGGGACTACCAAGGCTTGTCTTACCCGA
GCAGGGCAGAACTGCCATACACTCATTGACTGAGAGACTACCGTAGGAGGGCCCATGATGAACAG
CAAAGGGCAATCTGCGGATACAGGCATTGCCGCCAGCGGGAGTGTACCCACCA
TACCATCAGTGTACATCAAGGCCCTAGCGGCTTGTAAAGCAGCAGGAATAGTGGCCCCCACC
GCTGGTGTGGCGACCTAGTTGTCATCTCAGAGAGTCAGGGAGTCAGGAGGACGACCGGAA
CCTGAGNNNN

35/74

Fig. 3H

SEQ ID NO. 71 (FR4, 2f)

CTCAACCGTCACAGAGAGGGATATAAGAACTGAGGAGTCCATATACCTGGCCTGCTCCTTACCCGA
GCAGGCCGGACTGCCATACATTACATTAACTGAGAGACTTACGTGGGAGGGCCATGATGAACAG
CRAAGGGCAGTCCTGCGGATACAGGCCTTGCGCGCTAGCGGAGTGTCAACCACAGTATGGGAA
CACCATCACGTGTATGTGAAAGCCCTCGCAGCTTGTAAAGCTGCGGGCATTTGTTGCCACCGAT
GCTGGTGTGCGCAGTACCTGGTGTCACTCTCAGAGAGTCAGGGGCTGAGGAGGACGAGCGAAA
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 73 (BNL5, 2h)

CTCAACAGTCGCGGAGAGAGACATCAGGACCGAGGGACTCCATTTACCTTGCCCTGCTCCTTACCCGA
GCAAGCCCCAAGTCCATACATTACATTGACTGAGAGACTTACGTAGGAGGGCCATGATGAACAG
CAAGGGACAGTCCTGCGGTTACAGACGTTGCCCGCCAGCGGAGTGTCAACCACAGCATGGGAA
TACCATCACATGTATGTGAAAGGCTTACGTGCTGCAAAGCTGCAAGGATCGTTGCTCCACCGAT
GCTGGTTTGTGGCAGCAGTCTGGTCACTCTCAGAGAGTCAGGGAAACCGAGGAGGATGAGCGGAA
CCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 75 (FR13, 2k)

CGNACANCCCTCRRGGCCCCCCCCCTCCCGGGAGAGCCATAGTGGTCTGCGGAACCGGTGAG
TACACCGGAATTGCGGAAAGACTGGGTCTTCTTGGATAAAACCCACTCTATCCCCGGC
CAATTGGGCGTGTGCCCCCGCAAGACTGCTARCCGAGTAGCGTTGGGTGCGAAAGGGCCTTG
TGGTACTGCTGTATGGGTGCTGCGAGTGGCCCGGGAGGTCTCGTAGACCGTGCATCAT
GAGCACAAATCTAAACCTCAAAGAAAACAAAAGAAACACTAACCGCCGCCACAGGA
CGTTAAGTTCGGGGCGGTGGCCAGATCGTGGCGGAGTATACTTGTGCGCTGCAAGGGG
NCCCAGGTNGNTATGCGCAACGANGAAGACTNCCGAACAGTCCACGCCACGTGGGAG
GCGCCAGCCCACCTCCGAAAGATCGGNGCACCCTGGCAAGTCCCTGGGACGTCCAGGATA
TCCCTGGCCCCCTGTATGGGAAACGAGGGCCTGGGTGGGCAAGGGTGGCTCTGTCCCCCG
GGGCTCCCGGGCGTGTGGGGCCACGGACGGCCGGCATAGGTCGGCACAATTGGGTA
GGTCATCGATAACCTCACGTNCGGCTTNCGGACCTCATGGGTACATTCCCGTGTGG
CGCCCCAGTAGGGCGTGCAGAGCTCGCGCATGGCGTAGAGTCCCTGGAGGACGG
GATAAAACTATGAAACAGGGAAACCTCCCGGGTGTCTTCTCTATCTCCCTCTGCTCT
TCTGTCTGAAATTACCGNGCCAGTTCTGCTGTGGAAATCAAAACACCAGMAAACACATA
CATGGTGACTAACGACTGTTCAAACAGYAGCATCACCTGGCAGCTTNNNNCGGGTGCT
TCACGTTCTGGATGCGTCCCCCTGTGAAACGAGAGGGCAACAGTCCCGGTGCTGGATTCC
AGTCACGCCCRACGTAKGNCGTGAGGCCACCTGGTCCCTAACCGAGGGTTGCGATCGCA
CATGACACCATCGTAGCGTCCGAAACATTGTTCTGGCTCTACATAGGGGATGTATG
TGGCGCGATAATGATAGCTGCGCAAGTGGTCACTCGTCTGCCGGAGCATCATCATTG
CCAGGACTGTAACTGTTCCATCTACCCGGGCCACATAACGGGGCTCGTATGTNG

SEQ ID NO. 77 (FR13, 2k)

ATCCACAGTCACTGAAAGAGACATCAGAGTTCAGAGACTCCGTTATCTGTCTGTTCACTTCCGA
GGAGGGCCCGAGCTGCCATACACTCAACTGAGAGGCTGTACGTGGGAGGTCCCAGCAGAACAG
CRAAGGGGCAATCTGCGGATACAGGCCTGCGCCAGCGGGGTGCTCAACCACAGCATGGGAA
TACTCTCACATGCTACTTGAAGGCCAGGGCCCTGCAGGGCCGGGGCATTTGTCACCCACAAT
GCTGGTGTGTGGCGACGACCTGGTGTCACTCTCAGAGAGTCAGGGGACTGAGAGGGACGAGAACAA
CCTGAGACCT

36/74

Fig. 3I

SEQ ID NO. 79 (FR18, 21)

CTCAACAGTCACGGAGAGGACATCAGGAATGAGGAGTCATATTCCCTGGCCTGCTCGTTGCCGA
GGAGGCCGGACTGTCATACTACATCGCTACTGAGAGACTCTACATAGCGGGCGATGATGAACAG
CAAAGGCCAGTCTGTGGATACAGGCCTTGTCGCGCCAGCGGGGTTTACCACTAGCATGGCAA
TACCATCACGTGCTATGTGAAAGCCATGGCAGCTTGAGAGCTGCCGGATTGACGCCCAACAA
GTTGGTATGTGGCAGACCTGGTGGTATCTCAGAGACTCAGGGACCGAGGAGCAGCGAAA
TCTGAGAGTC

SEQ ID NO. 81 (PAK64, 3g)

CTCTTGACTCTACTGTCACTGAAACAGGATATCAGGGTAGAAGAAGAAATATACCAATGTTGTGACC
TTGAGCCGGAGGCCTAGPCGGGCAATCAAATCGCTACGGAACGGCTTACGTTGGAGGTCCCATGT
TCACACAGCAAGGGGCTAAATGCGGATATGCCGTGCCGTGCTAGCGGTGATTGCCCACTAGCT
ACGGTAATAACATCACCTGCTACATCAAGGCCAGAGCGGCTGCTCAGCTGCGGGCTCAGACC
CATCATTCTTGTCTGCGGAGATGATTGGTGGTAGTGGCTCAGAGCTTGCCKGTTGATGAGGAGG
ATAGGGCAGC

SEQ ID NO. 83 (BNL8, 4k)

CTCCACTGTAACCGAAAGGACATCAGGCCCGAGGAAGAGGTCTATCAGTGTGACCTGGAGCC
CGAACGCTCGCAAGGTATTACCGCCCTCACAGAAAGACTCTACGTGGCGGCCCATGCACAACAG
CAAGGGAGACCTTGTGGGTATCGGAGATGCCGCGCAAGCGGGCTACACGACCAGCTCGGAAA
CACACTGACGTGCTACCTCAAGCCTCAGCTGCTATTAGAGCCCTGGGCTGAGAGACTGCACCAT
GCTGGTTGCGGTGACGACTTGGTCGTATCGCTGAGAGCGATGCCGTAGAGGAGGATAACCGAGC
CCTCCNAGCC

SEQ ID NO. 85 (BNL12, 4l)

CTCCACGGTGACTGAAAGGACATCAGGGTCGAGGAAGAGATCTATCAATGTTGTGACCTGGARCC
CGAACGCCCCAAAGCAATATCCGCCCTCACAGAGAGRCTACTTGGCGGCCCATGTATAACAG
CAAAAGGGAGCTCTGCGGGTATCGGAGGTGCCGCGAGCGGGAGTGTACACCAAGTTTGGGAA
CACAGTACCTGCTATCTAAGGCCACCGCAGCTACCAGGGCTGCAGGCCCTAAAGACTGCACCAT
GCTGGTCTGCGGTGACGACTTGGTCGTATCGCCGAGAGCCAGGGCTAGAGGAGGATTCCAACC
CCTCCGAGCC

SEQ ID NO. 87 (EG81, 4m)

CTCCACCGTAACCGAAAGGACATCAGGGTCGAGGAGGGTCTATCAGTGTGATCTGGAGCC
AGAGGCCCGCAAGGCAATATCCGCCCTCACGGAGAGACTCTATGTTGGCGGCCATGTTAACAG
CAAGGGAGACCTATGTGGCTACCGCAGGTGCCGCGCAAGCGGGCTACACCAAGCTTGGGAA
CACACTGACCTGCTACCTCAAGGCCACGGCCGCTACCAGAGCGGGGGCTGAAGGATTGCACAA
GCTGGTTGCGGGACGACCTGGTCGTATCGCAGAGAGCGATGCCGTGGACGAGGACCGCCGAGC
CCTCCAAGCT

SEQ ID NO. 89 (VN13, 7a)

CTCAACAGTCACAGAGCGCGATGTCCAGACGGAGCATGACATCTACCACTGCTGTAAGTTGGAGCC
CGCAGCACGGACAGCCATCACATCGCTACTGACCGATTGTACTNCGGTGGTCCCATGTNTAACTC
TAAAGGTCAAGGCATGTGGATACCGTAGGTGCAGGGCCAGTGGCGTCTGACCACTCTGGCCAA
TACTCTGACTTGCTACTTGAAGCTCAGGCAGGCTGAGAGCTGCCGGGCTGAAGGACTTGTAC
GTTGGTCTGCGGAGACGACCTTGTGTTATTGAGAGTTGGGGGTCTCGGAGGACACTAGTGC
ACTGCGAGCT

37/74

Fig. 3J

SEQ ID NO. 91 (VN4, 7c)

CTCGACAGTCACCGAGCGCAGACATCCRCACCGAGCACGACATCTACCAATGCTGCCAAGCTGACCC
GGTGGCACGCAAGGCATTACATCTGACTGAGCGGTGACTGCGGWGGGCCATGATGAACTC
CCGTGGTCAATCATGTGGATACCGTAGGTGCCGAGCCAGTGGCGTGTCAACACAGCTTGGGCAA
TACCCATACATGCTATTGAAAGCACAAGCAGCGTGTAGGGCAGCAAAGCTAAAAACTATGACAT
GTTAGTCCTGGAGACGATCTAGTCGTTATCGCGAGAGTGGAGGAGTCTCTGAGGATGTTGACGC
CCTGCCAGCA

SEQ ID NO. 93 (VN12, 7d)

CTCCTCCGTACGGAGCGTACATCCGCACTGAAACACGACATCTACAGTGTGCCAATTAGATCC
GGTAGCACGAAAGCCATTACATCTTACTGAGCGGTGACTGCGGCCCTATGTAACACTC
TCGAGGTCACTGTTGGTACCGCAGGTGGCGGCTAGTGGTGTCTCACCAAGCTTGGGCAA
CACCATGACATGCTACCTGAAGGCTCAGGGGGCTTGTAGGGCAGCRAGCTAAAAACTTGTACAT
GTTGGTCTGGAGACGACCTAGTCGTTATTGCTGAGAGCGGAGGAGTCCCTGAGGATGCCGGGC
CCTGCGACTC

SEQ ID NO. 95 (FR1, 9a)

ATCCACAGTCACGGGGCGCAGACATACGCACTGAAACAGACATTTACCTGTCCAGCTCGACCC
AGAGGCCCGGAAAGCCATAAAGTCTCTCAGTGGAGGCTCTATGTCGGGGCCCTATGTAACACTC
AAAGGGCCAACCTGTGGTCAACGCCGATGCCGAGCAGCGGAGTACTCCCCACAAGCATGGTAA
CACCATCACATGCTTCTGAGGCAACCGCCCTTGGCGAGCAGGGGCTTACAGATTATGACAT
GTTGGTCTGGAGACGATTGGTGTCTGAGAGTGTGAGTCACAGAGGATATCGCTAA
CCTGCCAGCC

SEQ ID NO. 97 (NE98, 10a)

CTCCACTGTCACTGAGCAGGACATCAGGGTAGTACTTCCATCTTCAGGCCCTGTGACCTCAAGGA
CGAGGGTAGGAGGGTATAACTTCACTCACGGAGCGCTTACTGTGGTGTCTATGTTCAACAG
CAAGGGACAACACTGCGGTTACCGCCGCTGCCGTCTAGTGGGTGCTACCCACAGCTTGGGAA
CACCATCACCTGTACATCAAGCAGAGCAGCTACCAAGCTGCCGAATTAAAAATCCATCATT
CCTTGTCTGGAGATGACTTGGTGTGATTGCTGAGAGTGCAGGGATCGATGAGGACAAGAGCGC
CTTGAGAGCT

SEQ ID NO. 99 (FR14, 11a)

CTCTACCGTCACAGAGAGGGACATACGGACAGAAGAATCCATCTATGTCITGTCAATTGCCG
AGAGGCCCGGAAAGCCATTAAATCGCTGACAGAGAGACTATACGTGGGCCGGCGATGGAAAACAG
CAAGGGCCAGGGCTGCCGATATAGGCGTGTGCCGCCAGCGGGGTATTCAACACAGCTTGGGAA
CACCATGACTTGTACATCAAGCAGGGCTGTAAAGCCGCTGGCATTGTAGACCCGGTGAT
GCTCGTGTGCCGAGACGACCTAGTGGTCACTCAGAAAGCAAGGGGGTGGAGGAGGACCAAGCGGGA
CCTACGAGTC

SEQ ID NO. 101 (FR15, 11a)

CTCCACTGTCACTGAGAGAGACATACGGACAGAAGAATCCATCTAYTGGCTGTCAATTGCCG
AGAGGCCCGGAAAGCCATTAAATCACTGACAGAGAGACTATACGTGGGCCGGCGATGGAAAACAG
CAAGGGCCAGGGCTGCCGATATAGGCGTGTGCCGCCAGCGGGGTATTCAACACAGCTTGGGAA
CACCATGACTTGTACATCAAGCAGGGCTGTAAAGCAGCTGGCATTGTGACCCGGTGAT
GCTCGTGTGCCGAGACGACCTAGTGGTCACTCAGAAAGCAAGGGGGTGGAGGAGGACCAAGCGGGA
CCTAC

38/74

Fig. 3K

SEQ ID NO. 103 (FR19, 11a)
CGTACAGCCTCCAGGACCCCCCCCCTCCGGGAGAGCCATAGGGTCTGGGAACCGGTGAGTACACC
GGAATTGGCGGGAGACTGGGTCTTCTGGATTAAACCCACTCTATGCCGGAGATTGGCGTG
CCCCCGCAAGACTGCTAGCCGAGTAGCGTTGGGTGCGAAAGGCCCTGGTACTGCCTGATAGGG
TGCTTGCGAGTGGCCCGGGAGGCTCGTAGACCGTGACCATGAGCACGAATCTAAACCTAAAG
ACAAACCAAAAGAACACCAACCGCCACAGGACGTTAAGTCCGGCGGTGGCCAGATCGT
TGGCGGGGTGACTTGTGCCGCGAGGGGCCCAGAGTGGGTGTCGCGCGACGAGAAAGACCTC
GGAGCGGTCCCAGCCCGTGGGAGGCAGCAACCTATCCCAAGGTTAGGCGCACCAACCGCCGTT

SEQ ID NO. 105 (FR19, 11a)
CTCTACTGTCACAGAGGGATATAAGAACAGAGGAATCCATYTATCTGGCTTGTCAATTGCCGA
AGAGGCCCGGAAGGCATCAAATCACTGACAGAGAGACTATACTGEGCGGCCGATGGAAACAG
CAAGGGCCAGGGCCTGGGATACAGGCCTGGCGCAAGCGGGGTATTCAACCACAAGCTGGGGAA
CACCATGACTTGTACATCAAAGCCAAGGGGGCTTGTAAAGCCGCTGGCATTGTTGACCCAGTGT
GCTCGTGTGCGGCAGCACCTAGGGTCACTCAGAAAGCAAGGGGGTGGAGGAGGACCAACGAGA
CCTACGANTC

SEQ ID NO. 2 (BNL1, 1d)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPXXXXXPGGGQIVGGVYLLPRRGPRXGVRAKTSERSQPRGRQPIP
KAXRXEGRSWAQPGYPWPLYGNEGCGWAXWLLSPRGSRPNWGP

SEQ ID NO. 4 (BNL1, 1d)
DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPTAHEVRNASGVYHVTNDCNSIIYEMDGIMHYPG
CVPCVREDNHLCRWMALTPTLAVKXASVPTXAIRRHDLLVGXTFCSAMVXDLGSVFLAGQLF
TFSPRMHHTQECNCIS

SEQ ID NO. 6 (BNL2, 1d)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKXPQGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRAKTSERSQPRDRQPIP
KARQSDGXXWAQPGHPWPLYGNEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGP

SEQ ID NO. 8 (BNL2, 1d)
DGVNYATGNLPGCSFSIFLLAFLSCLTVPTAHEVRNASGVYHLTNDCNSIIYEMSGMILHAPG
CVPCVRENNSSRCWMXLPTLAVKDAVPTAAIRRHDLLVGTAFRSAMVXDLGSVFLVGQLF
TFSPRLYHTTQECNCIS

SEQ ID NO. 10 (CAM1078, 1e)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPRRGPRLGVRAKTSERSQPRGRQPIP
KERRPEGR

SEQ ID NO. 12 (FR2, 1f)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRAKTSERSQPRGRQPIP
KARRPEGRSWAQPGYPWPLYANEGCGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRRSRNLGKVIDTLCGFAD
LMGYIPLVGAPLGGASRTLXHGVRLXGGVXXXXNLXGSXXIFILLXLLSCLTVPTSAVEHSTT
DGYRVTNDCSNGSIVYEAKDIIILHTPGXVPCIREGNISRCWVPLTPTLAARIANAPIDEVRHVDL
LVGAATFCSAMVYIGDLCGGVFLVGQLFTFTSRHWT
VQDCNCISIYSGHITGHXXX

SEQ ID NO. 14 (BNL3, 2e)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRAKTSERSQPRGRQPIP
KDRXATGRSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWGP

SEQ ID NO. 16 (BNL3, 2e)
TCXXADLMGYXPVVGAPVGGXARALAXGVRVLEDGINYXTGNLPGCSFSIFXLALLSCVTVPVSXV
EVKNTSQAYMATENDCSNSIVWQLXDAVLHVPVGCPENSSGRFHCWIPISPNIAVSKPGALTGKL
RIRIDAVVMSATLCSALYVGDCGAVMIAAQAFIVAPKRHYFVQECNCISYPGHITGHRMA

39/74

Fig. 3L

SEQ ID NO. 18 (FR4, 2f)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRAPRKTTERSOPRGRQPIP
KDERRATGKSWGRPGYPWPLYGNEGLGWAGWLLSPRGSRPSWGPNDPRHRSRNLGKVIDTLCGFXD
LMGYIPVVGAPVGGVARALAHGVRVLEDGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITPVSAIQVKNN
HFYMATNDCANDSIVWQLRDAVLHVPGCVCERSGNRTFCWTAVSPNVAVSRPGLTRGLRAHIDT
IVMSATLCSALYIGDLCGAVMIAAQAVVSPQYHTFVQECNCISIYGHITGHRMX

SEQ ID NO. 20 (BNL4, 2g)
DGVNYATGNLPGCSFSIFLLALLSCITPVSAVQVKNTSTMIMATNDCSNNSTIWQMCGAVLHVPG
CVPCELQGNKSRCPWIPVTPNVAVSQPGALTRGLRTHIDTIVMVATLCSALYIGDVCAGAVMIAAQVV
IVSPQHHNFSQDCNCISI

SEQ ID NO. 22 (BNL5, 2h)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGRSLAETYCARRGKLRRSSMG

SEQ ID NO. 24 (BNL5, 2h)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAVQVKNTSHSYMVTNDCSNSSTIVWQLKDAVLHVPG
CVPCEERHQNQSRCWIPVTPNVAVSQPGALTRGLRTHIDTIVASATVCSALYVGDFCGAVMLVSQFF
MISPOHHIFVQDCNCISI

SEQ ID NO. 26 (BNL6, 2i)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAVQVANRSGSYMVTNDCSNSSTIVWQLEEAVLHVPG
CVPCEWKDNTSRCWIPVTPNIAVSQPGAXTKGLRTHIDIIIVASATFCSCALYV

SEQ ID NO. 28 (BNL7, 4k)
MSTNPKPQRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTTERSOPRGRQPIP
KARRSEGRSWAQPGYPWPLYGNECCGWAQWLLSPRGSRPSWGPNDPRRSR

SEQ ID NO. 30 (BNL7, 4k)
DGINFATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNVSGIYVYVNTDCPNSSIVYEADHHILHLP
CVPCEVREGNQSRCWVALPTVAAPIGAPLESLSRSHVDMVGAATVCSALYIGDXCXGLEFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 32 (BNL8, 4k)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYRNTSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
CVPCEVREGNQSRCWVALPTVAAPIGAPLESLSRSHVDMVGAATVCSALYIGDLCGGLFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 34 (BNL9, 4k)
DGINYATGNLPGCSFSIFLLALLSCLTVPASAINYHNTSGIYHITNDCPNSSIVYEADHHILHLP
CVPCEVREGNQSSCWVALPTVAAPIGAPLESLSRSHVDMVGAATVCSALYIGDLCGGLFLVGQMF
SFRPRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 36 (BNL10, 4k)
DGINYATGNIPGCXFSIFLLALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
CVPCEVREGNQSRCWVALPTVAAPITAAPLESLSRSHVDMVGAATVCSALYIGXLCGGLFLVGQMF
SXQPRRRHWTQDCNCISI

SEQ ID NO. 38 (BNL11, 4k)
DGINYATGXIPGCXFSIFLLALLSCLTVPASATNYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
CVPCEVREGNHSRCWVALPTVAAPIGAPLESLSRSHVDMVGAATVCSALYIGDLCGGLFLVGQMF
SFRPRRHWTQECNCISI

SEQ ID NO. 40 (BNL12, 4l)
DGINYATGNLPGCSFSIFILALLSCLTVPASAQHYRNVSGIYHVTNDCPNSSIVYEADHHILHLP
CVPCEVKTGNTSRCWVALPTVAAPILSAPLMSVRHVDMVGAATLSSALYIGDLCGGLFLVGQMF
TFQPRRRHWTQDCNCISI

40/74

Fig. 3M

SEQ ID NO. 46 (VN13, 7a)

MSTLPKPKRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRQPIP
KVRHCTGRTWAQPGYPWPLYNEGGCGWAGWLLSPRGSRPNWPNDPRXRSRNLGKVIDTLTXXFAD
LIEYI

SEQ ID NO. 44 (VN4, 7c)

MSTLPKPKRKTKRNTIRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRQPIP
KVRHCTGRTWAQPGYPWPLYNEGGCGWAGWLLSPRGSRPNWPNDPRXRSRNLGKVIDTLTXXFAD
LMGYIPVVGAPXGGVAXALAHGVXXIEDXVNYATXNLPXXSXISIALLSCLTPASAHYTNKS
GLYHLTNDCPNSSIVYEAEETLILHPGCVPCVKXXNQSRCWVQASPTLAVPNASTPTVGRKHVDI
LVGAAAFCSAMYVGDLCGGLFLVQQLFTLPRMHQVQECNCSTYGHITGHRMA

SEQ ID NO. 48 (VN12, 7d)

MSTLPKPKRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQARGRRQPIP
KVRQNQGRRTWAQPGYPWPLYNEGGCGWAGWLLSPRGSRPDWXPNPDPRXRSRNLGKVIDTLTXXFAD
LMEYIPVVLGGAPLGGVAAALAHGVRAIEDGVNYATGNLPGCSFSIFXLLALLSCLTPASAHLNANKS
GLYHLTNDCPNSSIVYEANGMILHLPGCVPCVKTGNTLKCWLSSAASPTLAVQNASVSIRGVREHVDI
LVGAAAFCSAMYVGDLCGGLFLVQQLFTFRPRMVEIAQDCNCSTYAGHITGHRMA

SEQ ID NO. 42 (FR1, 9a)

MSTLPKPKRKTKRNTNRRPMDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKTSERSQPRGRQPIP
KVRQPTGRSWGQPGYPWPLYNEGGCGWAGWLLSPRGSRPNWPNDPRXRSRNLGKVIDTLTXXFAD
LMGYIPVVLGGAPLGGVAAALAHGVRAIEDGVNYATGNLPGCSFSIFXLLALLSCLTPASAHLNANKS
GIYHLTNDCSNNSSIVFEAEETMILHLPGCVPCIKAGNESRCWLPSVPTLAVPNSSVPIHGFRRHV
LVGAAAFCSAMYIGDLCGSIILVQQLFTFRPKYHQVTDQDCNCSXNGHVTGHRMA

SEQ ID NO. 50 (NE98, 10a)

MSTLPKPKRKTKRNTNXRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPRRGPQLGVRAVRKTSERSQPRSRRQPIP
RARRTEGRSWAQPGYPWPLYNEGGCGWAGWLLSPRGSRPSWPNDPRXRSRNLGKVIDTLTXXFAD

SEQ ID NO. 52 (NE98, 10a)

DGINFATGNLPGCSFSIFLLALFSCLLPTAGLEYRNASGLYMTNDCSNGSIVYEAGDIIILHLP
CVCVCRSGNTSRCWIPVSXTVAKSPCAATSLRTHDMMVXAATLCSALYVGDLGALFLXGQGF
SWRHRQHWTQDCNCSTI

SEQ ID NO. 54 (BNL1, 1d)

STVTENDIRVEESIYQCCDLAPEARAKAIKSILTERLYIGGXLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTS
TLTCYLKARAAACRAAKLQDCTMLVCGDDLVVICESAGVEEDAANLR

SEQ ID NO. 56 (BNL2, 1d)

STVTENDIRTEXSIYQCCDLAPEARAKAIKSILTERLYIGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTS
TLTCYLKARAAACRAAKLQDCTMLVCGDDLVVICESAGVEEDAANLRV

SEQ ID NO. 58 (FR17, 1d)

STVTENDIRVEESIYQCCDLAPEARAKAIKSILTERLYIGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTS
TLTCYLKARAAACRAAKLQDCTMLVCGDDLVVICESAGVEEDAANLRV

41/74

Fig. 3N

SEQ ID NO. 60 (CAM1078, 1e)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYVLPRRGPRLGVRRAAKTSERSQPRGRQPIP
KERRPEGRSWAQPGYPWPLYNEGCGWAGXLLSPRGSRPSWGPTDPRRSRNLGKVIDTLTCXFAD
LMGYIP

SEQ ID NO. 62 (CAM1078, 1e)

STVTEADIRTEESIYQCCDLHPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTS CGN
TLTCYIKALAACRAAKLQDCSMLVCGDDLVVICESVGTQEDAASLRA

SEQ ID NO. 64 (FR2, 1f)

STVTESDIRTEESIYQCCDLDPEARKAIRSLTERLYVGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTS CGN
TLTCYIKARAACRAAKLQDCSMLVCGDDLVVICESIEGXXEDPSXXX

SEQ ID NO. 66 (FR16, 1g)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRLGVRATRKT SERSQPRGRQPIP
KARRSEGRSWAQPGYPWPLYNEGGMGWAGWLLSPHGSRPSWGSDPRRSRNLGKVIDTLTCGFAD
LMGYIPLVGAPlGGVARALAQGFRDL

SEQ ID NO. 68 (FR16, 1g)

XXVTESDIRVEXSIYQCCDLAPEARVAIKSLTERLYVGGPLTNSKGQNCGYRRCRASGVLTTS CGN
TLTCYIKAAAACRAAKLRECTMLVCGDDLVVICESAGVQEDAASXXX

SEQ ID NO. 70 (BNL3, 2e)

STVTERDIXTEESIYQACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRHC RASGVLTTS MGN
TITCYIKALAACKAAGIVAPTMVCGDDLVVICESQGVEEDDRNLXX

SEQ ID NO. 72 (FR4, 2f)

STVTERDIRTEESIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTS MGN
TITCYVKALAACKAAGIVAPTMVCGDDLVVICESQGAEEDERNLRV

SEQ ID NO. 74 (BNL5, 2h)

STVAERDIRTEESIYLACSLPEQARTAIHSLTERLYVGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVLTTS MGN
TITCYVKALAACKAAGIVAPTMVCGDDLVVICESQGTEEDERNLRV

SEQ ID NO. 76 (FR13, 2k)

MSTNPKPQRKTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLCRXPRXXXCATXKTXEQSQPRGRQPIP
KDRXTTGKSWGRPGYPWPLYNEGGLGWAGWLLSPRGSRPSWGPTDPRRSRNLGKVIDTLTXGFXD
LMGYIPVVGAPVXGVARALAHGVRVLEDGINYETGNLPGCSFSISLLALLSITXPVSAVEIKNTXN
TYMVTNDCSNXSITWQLXXAVLHVPGCVPCEREGNSSRCWIPVTPXVXSRPGALTEIGLRSHIDTI
VASATFCASLYIGDVGCAIMIAQVVIVSPHHHFVQDCNCISYPGHITGPRMX

SEQ ID NO. 78 (FR13, 2k)

STVTERDIRVEESVYLCSLPEEARAAIHSLTERLYVGGPMQNSKGQSCGYRRCRASGVLTTS MGN
TITCYIKQAACRAAGIVAPTMVCGDDLVVICESQGTERDENNLRP

42/74

Fig.30

SEQ ID NO. 80 (FR18, 21)

STVTERDIRNEESIFLACSLPEEARTVIHLTERLYIGGPMMNSKGQSCGYRRCRASGVFTTSMGN
TITCYVKAMAACRAAGIDAPTMVCGDDLVVISESQGTEEDERNLRV

SEQ ID NO. 82 (PAK64, 3g)

STVTEQDIRVEEEIYQCCDLEPEARRAIKSLTERLYVGGPMFNSKGLKCGYRRCRASGVLPSTSFGN
TITCYIKARAARAAGLQDPSFLVCGDDLVVVAESCXVDEEDRAALR

SEQ ID NO. 84 (BNL8, 4k)

STVTEKDIRPEEEVYQCCDLEPEARVKITALTERLYVGGPMHNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSFGN
TLTCYLKASAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVVIAESDGVEEDNRALXA

SEQ ID NO. 86 (BNL12, 4l)

STVTEKDIRVEEEIYQCCDLXPEARAKAISALTEXLYLGGPMYNSKGELCGYRRCRASGVYTTSFGN
TVTCYLKATAATRAAGLKDCMLVCGDDLVVIAESEGVEEDSQPLRA

SEQ ID NO. 88 (EG81, 4m)

STVTERDIRVEEEVYQCCDLEPEARAKAISALTERLYVGGPMFNSKGDLCGYRRCRASGVYTTSFGN
TLTCYLKACAATRAAGLKDCTMLVCGDDLVVIAESDGVEEDRRALQA

SEQ ID NO. 90 (VN13, 7a)

STVTERDVQTEHDIYQCCKLEPAARTAITSLTDRILYXGGPMXNSKGQACGYRRCRASGVLTTLAN
TLTCYLKQAACRAAGLKDFDMLVCGDDLVVISESLGVSEDTSALRA

SEQ ID NO. 92 (VN4, 7c)

STVTERDIXTEHDIYQCCQLDPVARAKAITSLTERLYCXGGPMNSRGQSCGYRRCRASGVLTSLGN
TLTCYLKQAACRAAKLKNYDMLVCGDDLVVIAESGGVSEDVDALRA

SEQ ID NO. 94 (VN12, 7d)

SSVTERDIRTEHDIYQCCQLDPVARAKAITSLTERLYCGGPMYNSRGQSCGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYLKQAACRAAXEKLKNFDMLVCGDDLVVIAESGGVPEDAGALRV

SEQ ID NO. 96 (FR1, 9a)

STVTGRDIRTEXDIYLSQOLDPEARAKAISLTERLYVGGPMYNSKGQLCGQRRCRASGVLPSTSFGN
TITCFLKATAACRAAGFTDYDMLVCGDDLVVVTESAGVNEDIANLRA

SEQ ID NO. 98 (NE98, 10a)

STVTEQDIRVELSIFQACDLKDEARRVITSLTERLYCGGPMFNSKGQHCGYRRCRASGVLPSTSFGN
TITCYIKAKATKARGIKNPSFLVCGDDLVVIAESAGIDEDKSALRA

SEQ ID NO. 100 (FR14, 11a)

STVTERDIRTEESIYLSQOLPEEARKAISLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAKAACKAAGIVDPVMLVCGDDLVVISESKGVEEDQRDLRV

43/74

Fig. 3P

Figure 3 - continued

SEQ ID NO. 102 (FR15,11a)

STVTERDIRTEESIXXACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAXAACKXAGIVDPVMLVCGDDLVVISESKGVEEDQRDLXX

SEQ ID NO. 104 (FR19,11a)

MSTNPKPQRQTKRNTNRRPQDVKFPGGGQIVGGVYLLPRRGPRVGVRATRKTSERSQPRGRQPIP
KVRRTTGR

SEQ ID NO. 106 (FR19,11a)

STVTERDIRTEESXYLACQLPEEARKAIKSLTERLYVGGPMENSKGQACGYRRCRASGVFTTSLGN
TMTCYIKAKGACKAAGIVDPVMLVCGDDLVVISESKGVEEDQRDLRX

44/74

Fig. 4A Core/E1 amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ	1	50
HCV-1	1D	1a	229	MSTNPKPQKKNKRNTNRRPQDVKFPGGQQIVGGVYLLPRRGPRRLGVRA
HCV-J	1b	230		R-T-----
BNL1	1d	2		R-T-----
BNL2	1d	6		R-T-----
CAM1078	1e	10/60		R-T-----
FR2	1f	12		R-T-----
FR16	1g	66		R-T-----
HC-J6	2a	231		R-T-----
HC-J8	2b	232		R-T-----
CH610	2c	233		R-T-----
NE92	2d	234		R-T-----
BNL3	2e	14		R-T-----
FR4	2f	18		R-T-----
FR13	2k	76		R-T-----
EB1	3a	247		R-T-----
NZL1	3a	248		R-T-----
HCV-TR	3b	235		L-----
GB358	4c	249		R-T-----
DK13	4d	236		R-T-----
CAM600	4e	237		R-T-----
GDB09	4e	238		L-R-T-----
HPCCOREEZA	4?	250		T-----
HPCCOREEZA	4?	251		T-----
HPCCOREEZA	4?	252		M-----
GB724	4?	253		R-T-----
BNL7	4k	28		R-T-----
BE95	5a	239		M-----
HK2	6a	240		R-T-----
VN13	7a	46		L-----
VN4	7c	44		R-T-----
VN12	7d	48		L-----
FR1	9a	42		R-T-----
NE98	10a	50		M-----
FR19	11a	104		RQT-----

Fig. 4B

Annotated Sheet
 Inventor: Maertens et al
 SN 08/836,075/Sheet 45 of 74
 Atty. Dkt.: 2551-105

45/74

Isolate	Type	SEQ	ID	51	Core-V
HCV-1		1a	229	KTSERSQPRGRQPIP KARRPEGRTWAQPGYPWPLYGNEGCGWAGWLSP	100
HCV-J		1b	230		-M-----
BNL1		1d	2	X-X-----	-X-----
BNL2		1d	6	D-----	-QSD-XX-----
CAM1078		1e	10/60		E-----
FR2		1f	12		S-----
FR16		1g	66		A-----
HCJ6		2a	231		S-----
HCJ8		2b	232		S-----
CH610		2c	233		X-----
NE92		2d	234		X-----
BNL3		2e	14		S-----
FR4		2f	18		S-----
FR13		2k	76	X-----	S-----
EB1		3a	247		S-----
NZLJ		3a	248		S-----
HCV-TR		3b	235		S-----
GB358		4c	249		S-----
DK13		4d	236		S-----
CAM600		4e	237		QL-----
GB809		4e	238		S-----
BNL7		4k	28		S-----
HPCCOREZA		4?	250		T-----
HPCCOREZB		4?	251		S-----
HPCCOREZC		4?	252		S-----
GB724		4?	253		S-----
BE95		5a	239		S-----
HK2		6a	240		S-----
VN13		7a	46		S-----
VN4		7c	44		K-----
VN12		7d	48	A-----	A-----
FR1		9a	42	Q-T-----	A-----
NE98		10a	50	Q-----	S-----
FR19		11a	104	R-----	S-----

Fig. 4C

Isolate	Type	SEQ	ID	101	150
HCV1		1a	229	RGSRPSWGPTDERRSRNLGKVIDTLTCGFADLMGYIPLVGAPLGGAAARA	
HCV-J		1b	230		
BNL1		1d	2	-----N-----	
BNL2		1d	6		
CAM1078		1e	10/60	X-----	
FR2		1f	12	N-----	S-T
FR16		1g	66	H-----	V
HC-J6		2a	231	-----N-----H-----V-----	V-----V-----
HC-J8		2b	232	-----T-----H-----R-----I-----	V-----V-----V-----
CH610		2c	233	-----H-----	V-----V-----V-----
NE92		2d	234	-----H-----	V-----V-----V-----
BNL3		2e	14	SEQ ID NO: 16 - XX-----X-----V-----X-----	V-----V-----X-----
FR4		2f	18	-----N-----H-----X-----V-----V-----V-----	V-----V-----V-----
FR13		2k	76	-----H-----X-----X-----V-----VX-----V-----	V-----V-----V-----
HCV-TR		3b	235	-----N-----F-----	V-----V-----V-----
GB116		4c	241		V-----V-----V-----
DK13		4d	236	-----N-----	V-----V-----V-----
CAM600		4e	237	-X-----X-----N-----	V-----V-----V-----
GB809		4e	238	-----N-----	V-----V-----V-----
G22		4f	242		V-----V-----V-----
GB549		4g	243		V-----V-----V-----
GB438		4h	244		V-----V-----V-----
BNL7		4k	28	-----N-----	V-----V-----V-----
BE95		5a	239	-----N-----K-----	G-I-V-----
HK2		6a	240	-----H-----N-----	V-----V-A-----
VN13		7a	46	X-----N-----X-----	XX-----IE-----
VN4		7c	44	-----N-----N-----	V-----X-----V-X-----
VN12		7d	48	-----D-X-N-----X-----	E-----V-----V-AE-----
FR1		9a	42	-----N-----N-----	XXL-----VL-G-----V-A-----
NE98		10a	50	-----N-----	

Annotated Sheet
Inventor: Maertens et al
SN 08/836,075/Sheet 46 of 74
Atty. Dkt.: 2551-105

Fig. 4D

Isolate	Type	SEQ ID	V1		200	
HCV1	1a	229	LAHG	VRVLEDGVNYATGNLPGCSFSI	LLSCLTV	PASAYQVRNSTG
HCV-J	1b	230				I-----VS-I
BNL1	1d	4				E-----
BNL2	1d	8				XT-HE--AS-V
FR2	1f	12	-X-	XG-XXXXX--X-	XX--X-	F-----TT-HE--AS-V
FR16	1g	66	-Q-F-D-			
HC-J6	2a	231				
HC-J8	2b	232				
CH610	2c	233				
S83	2c	254				
NE92	2d	234				
BNL3	2e	16	-X-	I-X-----	X-----	I-----V-----
FR4	2f	18		I-----		V-----V-----
BNL4	2g	20				I-----V-----
BNL5	2h	24				V-----V-----
BNL6	2i	24				V-----V-----
FR13	2k	76				V-----V-----
BR36	3a	255				I-----V-----
HCV-TR	3b	235				V-----A-RS-S
Z4	4a	256				
GB809-4	4a	257				
Z1	4b	258				
GB1116	4c	241	-E-----AV-----I-----			
GB2115	4c	259				
GB3358	4c	260				
DK13	4d	236				
C2AM600	4e	237				
GBB809-2	4e	238				
CAMG22	4f	261				
CAMG27	4f	262				
GB549	4g	243				
GB438	4h	244				
BNL7	4k	30				
BNL8	4k	32				
BNL9	4k	34				
BNL10	4k	36				

Annotated Sheet
 Inventor: Maertens et al
 SN 08/836,075/Sheet 47 of 74
 Atty. Dkt.: 2551-105

48/74

Fig. 4E

BNL11	4k	38	--I--	--X--	--I--	--TNY--VS--I
BNL12	41	40	--I--	--I--	--I--	--QHY--VS--I
BE95	5a	239	--I--	--I--	--I--	--VPY--AS--I
BE100	5a	263	--I--	--I--	--I--	--VPY--AS--I
HK2	6a	240	--AI--	--I--	--T--	--LTYG--S--
VN4	7c	44	--XXI--X--	--X--	--XX--X--X--	--T--
VN12	7d	48	--X--	--AI--	--X--	--AHYT--KS--
FR1	9a	42	--AI--	--AI--	--T--	--T--
NE98	10a	52	--I--F--	--I--F--	--T--	--LNYA--KS--
					--T--	--I--K--AS--I
					--F--	--F--LT--TAGLEY--AS--

Fig. 4F

Isolate	Type	SEQ ID	V1	V2	V3	V4
			201	YHVTNDCPNSSIVYEADAILH ¹ PGCVFPC ² REGNAASRCWAM ³ PTVATRD ²⁵⁰	201	250
HCV-1		1a	229			
HCV-J		1b	230	-S-----	-M-M-----	-L-A-N
BNL1		1d	4	-S-----I--MDGM-M-Y-----	-D-HL-----M-L-----	-L-VKK
BNL2		1d	8	-S-----I--MSGM-A-----	-N-S-----MXL-----	-L-VK-
FR2		1f	12	-S-----G-----K-I-----X-----I-----I-----PL-----L-A-I		
HC-J6		2a	231	-M-----T-D-TWQLQA-V-V-----EKV-T-----IPVS-N-VQQ		
HC-J8		2b	232	-YA-----S-N-TWQLT-V-L-----ENDNGTLH-IQV-N-VKH		
CH610		2c	233	-M-----S-----WQLEG-V-----EQI-----PVS-N-I-Q		
S83		2c	254	-MP-----S-----WQLEG-V-----E-TA-V-----PVA-NL-ISO		
NE92		2d	234	-M-----Q-----WQLR-V-V-----EEK-I-----IPVS-NI-VSQ		
BNL3		2e	16	-MA-----S-N-----WQLX-V-V-----ENSSGRFH-IPIIS-NI-VSK		
FR4		2f	18	-MA-----A-D-----WQLR-V-----E-S-RTF-T-VS-N-VSR		
BNL4		2g	20	-MA-----S-N-----IWQMQG-V-----ELQ-K-----IPV-N-VNQ		
BNL5		2h	24	-M-----S-----WQLK-V-V-----E-HQ-Q-----IPV-N-VSQ		
BNL6		2i	26	-M-----S-----WOLEE-V-V-----EWKD-T-----IPV-NI-VSQ		
FR13		2k	76	-M-----S-X-----TWQLXX-V-V-----E-S-----IPV-X-XVSR		
BR36		3a	255	-VL-----S-----D-V-----I-----OD-T-T-----TPV-----VKY		
HCV-TR		3b	235	-VL-----S-G-----E-V-----E-V-----TT-----Q-S-----TTVST-----V-T		
Z4		4a	256	--I-----DHH-----L-----MT-----T-----TPV-----VAH		
GB809-4		4a	257	--I-----V-----TDHH-----L-----A-----V-----TPV-----AVS		
Z1		4b	258	--I-----T-----TEHH-----M-L-----TE-T-----PL-----APY		
GB116		4c	241	--I-----DHH-----L-----L-----V-----O-----L-----APY		
GB215		4c	259	--I-----DHH-----L-----L-----V-----Q-----LS-----APY		
GB358		4c	260	--I-----TBHH-----L-----V-----Q-----L-----APY		
DK13		4d	236	--I-----TDYH-----L-----K-T-----SL-----AQH		
CAM600		4e	237	--I-----A-----TENH-----L-----T-----Q-----L-----SPY		
GB809-2		4e	238	--I-----A-----TDNH-----L-----KT-----Q-----L-----SPY		
CAMG22		4f	261	--L-----F-----VHH-----L-----T-----Q-----I-L-----L-APY		
CAMG27		4f	262	--I-----F-----EHH-----L-----T-----T-----PL-----APY		
GB549		4g	243	--I-----DHH-----M-L-----T-----V-----IPL-----VPY		
GB438		4h	244	--I-----DHH-----M-L-----T-----V-----IPL-----VPY		
BNL7		4k	30	--Y-----DHH-----L-----Q-----L-----APY		
BNL8		4k	32	--I-----DHH-----L-----T-----Q-----L-----APY		
BNL9		4k	34	--I-----DHH-----L-----V-----Q-S-----L-----I-APY		
BNL10		4k	36	--I-----DHH-----AL-----V-----Q-----L-----APY		
BNL11		4k	38	--I-----F-----DHH-----L-----K-----H-----L-----APY		

49/74

50/74

Fig. 4G

BNL12	41	4.0	--SDHH--	--L--	--KT--	--T--	--L--	--API
GB724	4x	24.6	--I--	--V--	--TDHH--	--L--	--T--	--AVS
BE95	5a	23.9	--	--	--DNL--	--A--	--MT--	--V--
BE100	5a	26.3	--	--	--D-L--	--A--	--KD-V--	--OI--
HK2	6a	24.0	--L--	--L--	--L--DAM--	--L--	--VDDR-T--	--H-V--
VN4	7c	4.4	--L--	--L--	--ETL--	--L--	--KXX-Q--	--L-IPN
VN12	7d	4.8	--L--	--L--	--NGM--	--L--	--KT--	--LTK--
FR1	9a	4.2	--L--	--S-N--	--F--	--ETM--	--LSAS--	--L-VQN
NE98	10a	5.2	--M--	--S-G--	--G	--I--	--IKA--	--E--
						--L--	--LPVS--	--L-VPN
						--S--T--	--IPVSK--	--VKS

Fig. 4H

Isolate	Type	SEQ ID	V4	V5	300
HCV-1		1a	229	GKLPATQRLRRHIDLLVGSATLCSALYVGDLGSVFLVGOLF	SPRRHWT
HCV-J		1b	230	SSI-T-TI---V---A-A---M---	YE-
BNL1		1d	4	ASV-TXAI---V---XX-F---M-X---	M-H-
BNL2		1d	8	ANV-TAAI---V---T-AFR---M---	LYH-
FR2		1f	12	ANA-IDEV---V---A-VF---M-I---	TS-
HC-J6		2a	231	PGALTKG---T---MV-M---	G-M-AA-M-IV-QH--F
HC-J8		2b	232	RGALTRS---T-V-MI-MA---A---	V-A-MILS-A-MV---Q---NF
CH610		2c	233	PGTLTKG---A-V-VI-M---	V-ALMIAA-AVIA---Q---TF
S83		2c	254	PGALTKG---A---II-M---V---	V-ALM-AA-VVVV---QH-TF
NE92		2d	234	PGALTKG---T---TIIA---F---	I-A-M-AS-V-I-QH-KF
BNL3		2e	16	PGALTKG---AR---AV-M---	V-A-MIAA-A-IVA-K--YF
FR4		2f	18	PGALTRG---A---TI-M---	I-A-MIAA-VAVV---QY-TF
BNL4		2g	20	PGALTRG---T---TI-MV---	I-V-A-MIAA-VVIV---QH-NF
BNL5		2h	24	PGALTRG---T---TI-A---V---	F-A-M-S-F-MI---QH-IF
BNL6		2i	26	PGAXTKG---T---II-A---F---	I-V-AIMIAA-VVIV---EH-HF
FR13		2k	76	PGALTEG---S---TI-A---F---	M-A---A---R---Q-
BR36		3a	255	VGATTASI-S-V---A-M---	AF-A---A---R---T-
HCV-TR		3b	235	LGVTTASI-T-V-M---ARQ---	GA---M-MI---R---
Z4		4a	256	PGA-LESF---V-M-A---V---	GA---M---Q
GB809-4		4a	257	MDA-LESF---V-M-A---V---	M---Q
Z1		4b	258	PNA-LESM---V-M-A---M---	F---I---G---D-R---
GB116		4c	241	VGA-LES---S-V-M-A-V---	I---G---M-S-Q---
GB215		4c	259	IGA-VESF---V-MM-A-V---	I---G---M-S-R---
GB358		4c	260	IGA-LES---S-V-M-A-A---	I---G---M-S-Q---
DK13		4d	236	LNA-LES---V-M-G---	I---V---G---Q---
CAM600		4e	237	AGA-LEP---V-M-A-M---	I---GL---M---Q---
GB809-2		4e	238	VGA-LEP---V-M-A-V---	GL---M---Q---
CAMG22		4f	261	LGA-LESM---V-M-T---	GI---A---M---R---L---
CAMG27		4f	262	IGA-LESM---V-M-T---	I---GI---M-N-R-L---
GB549		4g	243	VGA-LESM---V-M-A-V---	I---G---M---R---
GB438		4h	244	LGA-L-SV-Q-V-M-A---	I---H---G---A---MVS-Q---
BNL7		4k	30	IGA-LES---S-V-M-A-V---	I---X-XGL---M-S-R---
BNL8		4k	32	IGA-LES---S-V-M-A-V---	I---GL---M-S-R---
BNL9		4k	34	IGA-LES---S-V-M-A-V---	I---GA---M-S-R---
BNL10		4k	36	TAA-LES---S-V-M-A-V---	I---GL---M-SXQ---
BNL11		4k	38	IGA-LES---S-V-VM---A-V---	I---GL---M-S-R---

Annotated Sheet
 Inventor: Maertens et al
 SN 08/836,075/Sheet 51 of 74
 Atty. Dkt.: 2551-105

Fig. 4I

Annotated Sheet
Inventor: Maertens et al
SN 08/836,075/Sheet 52 of 74
Atty. Dkt.: 2551-105

52/74

BNL12	4.1	LSA-LMSV	---	V	-M	-A	-S	-----	GA	-----	M	-----	Q	-----					
GB724	4x	VDA-LESF	---	V	-M	-A	-V	-----	GA	-----	M	-----	Q	-----					
BE95	5a	239	LGAVTAP	---	AV	-Y	-A	-G	A	-----	A	-AL	-----	M	-----	YR	-----	Q	-----
BE100	5a	263	FGAVTAP	---	AV	-Y	-G	-A	-----	A	-AL	-----	M	-----	YR	-----	Q	-----	
HK2	6a	240	AST	---	GF	---	V	-A	-A	VV	S	-I	-----	L	-A	-----	Q	-----	
VN4	7c	4.4	AST-V-GF	---	K	-V	-IM	-A	-AF	-----	M	-----	GL	-----	LR	-----	M-QV	-----	
VN12	7d	4.8	ASVSIRGV-E	---	V	-----	A	-AF	-----	M	-----	GL	-----	R	-----	MYE	I	-----	
FR1	9a	4.2	SSV-IHGF	---	V	-----	A	-AF	-----	M	I	-----	II	-----	R	-----	KY	-----	
NE98	10a	52	PCAAATAS	---	T	-V	-MM	-XA	-----	AL	-X	-G	-SWRH	Q	-----	-----	-----	-----	

Fig. 4J

Isolate	Type	SEQ ID	V5	30A	319
HCV-1		1a	229	TQGCNCSTIYPGHITGHRMA	
HCV-J		1b	230	V-D-----VS-----	
BNL1		1d	4	--E-----	
BNL2		1d	8	--E-----	
FR2		1f	12	V-D-----S-----XXX	
HC-J6		2a	231	V-D-----T-----	
HC-J8		2b	232	--E-----Q-----	
CH610		2c	233	V-E-----X-----	
S83		2c	254	V-E-----R-----	
NE92		2d	234	V-D-----	
BNL3		2e	16	V-E-----	
FR4		2f	18	V-E-----X-----	
BNL4		2g	20	S-D-----	
BNL5		2h	24	V-D-----	
FR13		2k	76	V-D-----P--X	
BR36		3a	255	V-T-----LS-----	
HCV-TR		3b	235	V-T-----VS-----	
Z4		4a	256	--E-----T-----	
GDB809-4		4a	257	--D-----T-----	
Z1		4b	258	--D-----VS-----	
GB116		4c	241	--D-----A--V-----	
GB215		4c	259	--D-----A--G-----	
GB358		4c	260	--D-----A--V-----	
DK13		4d	236	--D-----T-----	
CAM600		4e	237	--D-----T-----	
GB809		4e	238	--D-----A-----	
CAMG22		4f	261	--E-----T-----	
CAMG27		4f	262	--E-----	
GB549		4g	243	--D-----D-----	
GB438		4h	244	--D-----V-----	
BNL7		4k	30	--D-----	
BNL8		4k	32	A-D-----	
BNL9		4k	34	--D-----	
BNL10		4k	36	--D-----	
BNL11		4k	38	--E-----	
BNL12		4l	40	V-D-----	

Annotated Sheet
 Inventor: Maertens et al
 SN 08/836,075/Sheet 53 of 74
 Atty. Dkt.: 2551-105

54/74

Fig. 4K

GB724	4x	246	--D-----T-----
BE95	5a	239	V-N-----S-----V-----
BE100	5a	263	V-D-----S-----V-----Q-----
HK2	6a	240	V-D-----T-----V-----
VN4	7c	44	V-E-----T-----
VN12	7d	48	A-D-----A-----
FR1	9a	42	--D-----XNX-----V-----
NE98	10a	52	V-D-----

Fig. 5A NS5B nucleotide alignment

Isolate	Type	SEQ ID	7932	7981
HCV-1	1a	264	CTCCACAGTCACTGAGAGCAGATCCGTACGGAGGGCAATCTACCAAT	
HCV-J	1b	265	---A---G---AT---T---AT---T---T---T---	
BE90	1b	266	N---A---C---A---GTT---T---T---	
BNL1	1d	53	---G---T---AT---GTC---AT---A---	
BNL2	1d	55	---G---T---A---AT---T---C---RAT---T---	
FR17	1d	57	---G---T---A---T---GTC---AT---G---	
CAM1078	1e	61	---A---G---AGCT---T---A---T---C---A---	
FR2	1f	63	N---A---T---T---A---T---C---A---	
FR16	1g	67	NNNNNNNN---T---T---GTC---RT---T---	
HC-J6	2a	267	---A---C---A---G---T---T---C---A---T---GGG	
HC-J8	2b	268	---A---C---G---AA---A---A---AT---C---A---T---GG	
BNL3	2e	69	---G---A---A---T---AA---N---T---T---C---A---GG	
FR4	2f	71	---A---C---A---G---T---AA---A---T---C---A---TGG	
BNL5	2h	73	---A---G---A---A---G---C---T---C---T---TGG	
FR13	2k	77	A---A---A---A---AGTT---A---T---CG---T---T---TG	
FR18	2l	79	---A---G---A---G---AT---T---C---A---T---TGG	
T1	3a	269	---A---T---ACAG---A---GGT---A---AG---A---	
T9	3b	270	---T---T---ACAT---A---G---AG---A---	
PAK64	3g	81	---T---T---ACAG---T---A---GGTA---A---A---A---A---	

Fig. 5B

Isolate	Type	SEQ ID	7932	7981
GB48	4c	271	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----A-AGG-----T-G-	
GB116	4c	272	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	
GB215	4c	273	-----T-A-C-A-AA-----A-GGTC-----AGG-A-T-G-	
GB358	4c	274	-----T-A-C-A-AG-----A-GGTC-----AGG-G-T-G-	
GB809	4e	275	-----T-G-----A-----AAGGTC-----A-A-G-----T-G-	
GB549	4g	276	-----G-G-C-A-G-----T-----A-G-C-----A-AG-----G-	
BNL8	4k	83	-----T-A-C-A-AG-----A-GC-C-----A-AGG-----T-G-	
BNL12	4l	85	-----G-G-----A-AG-----A-GGTC-----A-AG-----T-	
EG81	4m	87	-----C-A-C-A-G-----A-GGTC-----AGG-----T-G-	
CHR18	5a	277	-----G-C-T-C-ACAT-----AATG-----T-A-T-T-T-----G-	
VN13	7a	89	-----A-----A-----C-----TG-----AG-----C-T-AC-----G-	
VN4	7c	91	-----G-----C-----C-----RC-----C-C-C-AC-----C-----	
VN12	7d	93	-----T-C-----G-----C-T-----C-T-A-C-C-AC-----T-G-	
FR1	9a	95	-----A-----G-G-C-----A-----ACNA-AC-----T-----TG-	
NE98	10a	97	-----T-----CAG-----A-GGTA-----ACTTT-C-----TT-GG	
FR14	11a	99	-----T-C-----A-----G-----A-G-A-AT-C-----T-TG-	
FR15	11a	101	-----T-----A-----A-G-A-AT-C-----Y-TGG	
FR19	11a	105	-----T-T-----A-----G-----T-----A-A-----AT-C-Y-T-TGG	

Annotated Sheet
 Inventor: Maertens et al
 SN 08/836,075/Sheet 56 of 74
 Atty. Dkt.: 2551-105

Fig. 5C

Isolate	Type	SEQ ID	8031
HCV-1	1a	264	7982
HCV-J	1b	265	GTTGTGACCTGGACCCCAAGCCCCGTTGGCCATCAAGTCCCTACCGAG
BE90	1b	266	-----T-G-C-----G-----A-GCA-----A-----G-----A-----A-----
BNL1	1d	53	-----T-G-C-----G-----A-ACA-----A-----G-----A-----G-----
BNL2	1d	55	-----T-G-C-----G-G-----T-----AA-----A-----A-----G-----
FR17	1d	57	-----T-G-C-----G-G-----Y-----G-----AA-----A-----G-----
CAM1078	1e	61	-----T-G-C-----G-G-----A-----AA-----A-----G-----A-----
FR2	1f	63	-----T-A-----G-G-----T-----AA-----A-----G-----A-----
FR16	1g	67	-----G-C-----G-G-----T-----A-----A-----G-----T-----
HC-J6	2a	267	-----TC-T-GCC-GAGG-G-----A-ACT-----AC-C-----A-----G-----T-----
HC-J8	2b	268	-----TCT-GCCT-AAG-----A-AACT-T-----AC-C-----G-----T-----
BNL3	2e	69	-----TC-T-ACC-GAG-----A-AACT-----AC-C-----AT-----G-----T-----
FR4	2f	71	-----CTC-T-ACC-GAG-----G-----GACT-----AC-T-----AT-----A-----T-----
BNL5	2h	73	-----CTC-T-ACC-GAG-----AACT-----AC-T-----AT-----G-----T-----
FR13	2k	77	-----TCA-TCC-GAGG-G-----A-CT-----AC-C-----A-----A-----T-----
FR18	21	79	-----CTCGT-GCC-GAGG-G-----GACT-T-----AC-T-----G-----T-----
T1	3a	269	-----A-----T-----A-----GG-G-----A-GAGA-TG-----TCCC-----G-----
T9	3b	270	-----T-----G-----AG-G-----T-----GAA-----G-----GCGG-T-----A-----
PAK64	3g	81	-----T-----G-----GG-G-----TA-ACG-----A-----A-----G-----A-----

Annotated Sheet
Inventor: Maertens et al
SN 08/836,075/Sheet 57 of 74
Atty. Dkt.: 2551-105

57/74

Fig. 5D

Annotated Sheet
 Inventor: Maertens et al
 SN 08/836,075/Sheet 58 of 74
 Atty. Dkt.: 2551-105

58/74

Isolate	Type	SEQ ID	7982	8031
GB48	4C	271	-G-G-G-	-AA-A-T-CCG---A-A-
GB116	4C	272	-G-G-G-	-AGA-A-T-CCG---A-A-
GB215	4C	273	-G-G-G-	-AA-TA-T-CCG---A-A-
GB358	4C	274	-G-G-G-	-AA-T-CTG-A-A-
GB809	4e	275	-T-G-G-	-AA-TA-AGCCG---G-
GB549	4g	276	-C-C-G-G-	-AA-TG-ATCCG---A-G-A-
BNL8	4k	83	-G-G-G-	-AA-TT-T-CCG---A-A-
BNL12	4l	85	-G-R-G-	-AAA-A-ATCCG---A-
EG81	4m	87	-T-G-AG-G-	-AA-A-ATCCG---G-
CHR18	5a	277	CA-TGT-T-GC-G-TG-G-G-	-A-ACG-A-C-A-
VN13	7a	89	-C-A-GT-G-G-GC-	-CA-G-T-T-C-
VN4	7c	91	-C-CC-A-T-GGT-A-AR-T-T-CA-T-G-T-	-T-G-T-
VN12	7d	93	-C-CC-AT-A-T-GGT-A-GAA-T-T-CA-T-T-	-T-T-
FR1	9a	95	CC-CC-G-AG-G-GAA-A-T-T-	-T-T-
NE98	10a	97	CC-A-GGA-G-G-TA-GAG-TG-A-CT-A-G-	-G-
FR14	11a	99	C-C-AT-GCCTGAAG-G-GAA-T-A-G-G-A-	-A-
FR15	11a	101	C-C-AT-GCC-GAAG-G-GAA-T-A-G-A-	-A-
FR19	11a	103	C-C-AT-GCC-GAAG-G-GAA-	-A-G-A-

Fig. 5E

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8081
HCV-1	1a	264	AGGCTTTATGTTGGGGCCCTTACCAATTCAAGGGGGAGAACTGCGG	
HCV-J	1b	265	C-----C-----T-----C-----G-----T-----G-----A-----C-----	
BE90	1b	266	C-----A-----C-----T-----C-----G-----T-----A-----C-----T-----	
BNL1	1d	53	C-----G-----CA-----C-----Y-----A-----AA-----AC-----	
BNL2	1d	55	C-----G-----C-----C-----C-----A-----C-----A-----C-----	
FR17	1d	57	C-----G-----A-----C-----T-----C-----A-----C-----AA-----C-----	
CAM1078	1e	61	C-----G-----C-----C-----G-----CT-----G-----AA-----C-----	
FR2	1f	63	C-----A-----C-----T-----C-----G-----A-----C-----AA-----C-----	
FR16	1g	67	C-----A-----C-----C-----C-----A-----C-----AA-----AC-----	
HC-J6	2a	267	A-----C-----G-----A-----G-----CA-----GTT-----CAGC-----A-----CC-----C-----	
HC-J8	2b	268	A-----C-----A-----G-----CA-----G-----A-----CAGC-----AA-----C-----ATC-----	
BNL3	2e	69	A-----C-----C-----A-----A-----G-----CA-----G-----TG-----CAGC-----AA-----C-----ATC-----	
FR4	2f	71	A-----C-----G-----A-----G-----CA-----G-----TG-----CAGC-----AA-----C-----TC-----	
BNL5	2h	73	A-----C-----A-----G-----CA-----G-----TG-----CAGC-----A-----AC-----TC-----	
FR13	2k	77	G-----C-----G-----A-----T-----CA-----GCAG-----CAGC-----A-----C-----ATC-----	
FR18	2l	79	A-----C-----CA-----A-----C-----G-----GA-----G-----TG-----CAGC-----AA-----CC-----TC-----T-----	
T1	3a	269	C-----CTGC-----A-----GTT-----CAGC-----A-----CCC-----A-----T-----	
T9	3b	270	C-----G-----CA-----C-----A-----T-----CA-----GTA-----CAGT-----A-----CTCC-----G-----	
PAK64	39	81	C-----C-----A-----T-----CA-----GTT-----CAGC-----A-----CTC-----A-----A-----	

Annotated Sheet
 Inventor: Maertens et al
 SN 08/836,075/Sheet 59 of 74
 Atty. Dkt.: 2551-105

Fig. 5F

Isolate	Type	SEQ ID	8032	8081
GB48	4C	271	--A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--CAGC-A--A--CCTG--	
GB116	4C	272	--A--C--C--G--C--T--CA-GCAT--CAGC--A--CCTG--	
GB215	4C	273	--A--C--G--C--T--CA-GCAT--AGC-AA--A--CCTG--	
GB358	4C	274	--A--C--G--C--T--CA-GCAT--CAGC-A--A--CCTG--T--	
GB809	4e	275	--A--C--C--G--C--CA-GCAT--CAGC-A--A--CCTT--	
GB549	4g	276	--A--C--C--G--C--T--CA-GTA--C--C-A--CCTA--	
BNL8	4k	83	--A--C--C--G--C--CA-GCA--CAGC-A--A--CCTT--T--	
BNL12	4l	85	--R--C--CT-G--C--CA-GTAT--CAGC-AA--CT--	
EG81	4m	87	--A--C--G--C--T--CA-GTTT--CAGC-A--A--CCTA--T--	
CHR18	5a	277	C-C--G--CTG--A--CA-GTAT--CAGC-A--C-AC-A-T--	
VN13	7a	89	C-AT-G--CTNC-T-T--CA-GTNT--C-T-AA--TC--GCA--T--	
VN4	7c	91	C--G--CTGC-W-G--CA-G-TG--C--CC-T--TC-ATCA--T--	
VN12	7d	93	C--G--CTGC-C--CA-GTA--C--TC-A--TC-TCA--T--	
FR1	9a	95	C--C--C--A-GTA--C--A--CC-ACT--T--	
NE98	10a	97	C--CTG--T-T--A-GTT--CAGC-A--AC-AC--	
FR14	11a	99	--A--A--C--G--C--GA-GGAA--CAGC-A--CC--GCT--	
FR15	11a	101	--A--A--C--G--C--GA-GGAA--CAGC-AA--CC--GC--	
FR19	11a	105	--A--A--C--G--C--GA-GGAA--CAGC-A--CC--GC--	

Annotated Sheet
 Inventor: Maertens et al
 SN 08/836,075/Sheet 60 of 74
 Atty. Dkt.: 2551-105

60/74

Fig. 5G

Isolate	Type	SEQ	ID	8082	8131
HCV-1	1a	264		CTATCGCAGGTGCCGCGAGCGGCGTACTGACAACTAGCTGTGGTAACA	
HCV-J	1b	265		T-----C-----A-----T-----G-----G-----C-----C-----	
BE90	1b	266		-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----	
BNL1	1d	53		----C---TC-----C-----G-----T-----C-----C-----C-----	
BNL2	1d	55		----TC-----T-----G-----C-----C-----C-----C-----	
FR17	1d	57		----C---TC-----C-----G-----T-----C-----C-----T-----	
CAM1078	1e	61		----A-----T-----C-----CT-----C-----C-----C-----	
FR2	1f	63		----C---C-A-----T-----A-----C-----G-----C-----C-----	
FR16	1g	67		----C-----T-----T-----G-----T-----T-----C-----C-----	
HC-J6	2a	267		G---CA-GC-T-----C-----G-----G-----T-----C-----ATG-----G-----	
HC-J8	2b	268		----CA-GC-T-----A-----T-----TT-C-----C-----ATG-----G-----T-----	
BNL3	2e	69		A---CA-GCAT-----C-----A-----G-----C-----C-----TATG-----G-----T-----	
FR4	2f	71		A---CA-GC-T-----T-----A-----G-----C-----C-----TATG-----G-----T-----	
BNL5	2h	73		T---CA-AC-T-----C-----A-----G-----C-----C-----ATG-----G-----T-----	
FR13	2k	77		A---CA-GC-C-----C-----G-----G-----C-----C-----ATG-----G-----T-----	
FR18	2l	79		A---CA-GC-T-----T-----C-----G-----GT-C-----C-----ATG-----C-----T-----	
T1	3a	269		T-----C-----T-----C-----T-----A-----C-----C-T-----C-----TC-----C-----	
T9	3b	270		-----C-C-----C-----CT-----C-T-----C-----C-----T-----AC-----T-----	
PAK64	3g	81		A-----C-T-----T-----T-----C-C-----AC-----T-----	

Annotated Sheet
Inventor: Maertens et al
SN 08/836,075/Sheet 61 of 74
Atty. Dkt.: 2551-105

61/74

Fig. 5H

Isolate	Type	SEQ ID	8082	8131
GB48	4c	271	G-----A-T-A-----	CTAC-C-C-----TC-G-----
GB116	4c	272	G-----A-----T-----	CTAC-C-C-----TC-G-----
GB215	4c	273	G-----A-----A-----	CTAC-C-C-----TC-G-----
GB358	4c	274	G-----A-----A-----	CTAC-C-C-----TC-G-----
GB809	4e	275	G-----T-----A-----	CTAC-C-C-----TC-G-----
GB549	4g	276	GC-A-G-----A-----	CTAC-C-C-----TC-G-----
BNL8	4k	83	G-----G-A-----A-----	CTAC-G-C-----TC-A-----
BNL12	4l	85	G-----G-----A-----	GTAC-C-A-T-TC-G-----
EG81	4m	87	-----C-----A-----	CTAC-C-C-----TC-A-----
CHR18	5a	277	T-----T-----A-----	CT-C-----TATG-C-----
VN13	7a	89	A-C-T-----A-G-C-----	CT-C-T-CTG-CC-T-----
VN4	7c	91	A-C-T-----A-C-T-----	CT-C-G-----TG-C-T-----
VN12	7d	93	G-C-----G-T-T-----	CT-C-C-A-----TG-C-----
FR1	9a	95	TC-A-C-A-----A-A-----	CC-C-A-----ATG-----
NE98	10a	97	T-C-C-C-----T-T-----	G-G-AC-C-----TC-G-----
FR14	11a	99	A-GC-T-----A-----	G-T-C-C-----TG-G-----
FR15	11a	101	A-GC-T-----A-----	G-T-C-C-----TG-G-----
FR19	11a	105	A-CA-GC-T-----A-----	G-T-C-C-A-----TG-G-----

Annotated Sheet
 Inventor: Maertens et al
 SN 08/836,075/Sheet 62 of 74
 Atty. Dkt.: 2551-105

62/74

Fig. 5/

Isolate	Type	SEQ ID	8132
HCV-1	1a	264	CCCTCACTTGCTACATCAAGGCCGGAGCGCTGTCGAGCGAGGGCTC
HCV-J	1b	265	-----A---T---T---G---ACT---G-----T---AA-----
BE90	1b	266	-----T---A---T---C---A---TCT-----T---GAA-----
BNL1	1d	53	-----G---A---T---G---A---A---G-----T---AA-----
BNL2	1d	55	-----A---T---G---A---A---G-----T---AA-----
FR17	1d	57	-----A---T---T---G---A---A---G-----T---GAA-----
CAM1078	1e	61	-----C---T---A---TA-----A---T---CAA-----
FR2	1f	63	-----C---T---A---A-----T---GAA-----
FR16	1g	67	-----A---C---G---A---GCC---G-----T---AA-----
HC-J6	2a	267	-----A---A---TG---G---A---TTA---G-----A---A-----
HC-J8	2b	268	-----A---G---A---T---A---TT---G-----A---AA-----
BNL3	2e	69	-----A---G---TA---G---T---AA---A-----AA---A-----
FR4	2f	71	-----A---G---T---TG---G---A---TC---T---AA---T---G---CA---T
BNL5	2h	73	-----A---A---TG---G---ATT---T---CAA---T---CA-----
FR13	2k	77	-----T---A---T---G---A---G---CA---G---G---CA---T
FR18	2l	79	-----A---G---TG---G---A---AT---T---CA---T---C---A---T
T1	3a	269	-----AA---T-----ACA---G---TGCAGAG---C---
T9	3b	270	-----AA---A---C---T-----ACT---A---CA---G---T---G---T-----
PAK64	3g	81	-----AA---C-----A---G---T---G---C---T-----A---G---TGC-----T-----

Annotated Sheet
Inventor: Maertens et al
SN 08/836,075/Sheet 63 of 74
Atty. Dkt.: 2551-105

63/74

Annotated Sheet
Inventor: Maertens et al
SN 08/836,075/Sheet 64 of 74
Atty. Dkt.: 2551-105

64/74

Fig. 5J

Isolate	Type	SEQ ID	81132	-A--G--G-----C-----A-----TCA--C--TATCAA--G-----G-----G
GB48	4C	271	-A--G--G-----C-----A-----TCA--C--TATCAA--G-----G-----G	
GB116	4C	272	-A--G--G-----TC-----A-----TCA--C--TATCAA--G-----G-----G	
GB215	4C	273	-A--G--G-----TC-----A-----TCA--C--ATCA--G-----GT-----G	
GB358	4C	274	-A--G--G-----C-----A-----TCA--C--TATCA--G-----G-----G	
GB809	4e	275	-AA--G--G-----C-----T-----TCA--C--ATCA--G-----T-----G-----A	
GB549	4g	276	-TG--A--G--T--TC-----GTT--G--TAC--A--G-----T-----G-----G	
BNI8	4k	83	-A--G--G-----C-----A-----TCA--T--TAT--A-----G-----G	
BNI12	4l	85	-AG--G--C-----TC-----T-----ACC-----TACCA--G-----T-----C--A	
EG81	4m	87	-A--G--C-----C-----AC-----C--TACCA--G-----C-----C--G	
CHR18	5a	277	--A--G--G-----T-----TTA--CT-----A-----AA-----AA	
VNI13	7a	89	-T--G-----T--G--A--T--A-----G-----A--CA-----T-----C-----G	
VN4	7C	91	--A--A-----TT--G--A--AA-----G-----A--G-----A-----AA	
VNI12	7d	93	--A--G--A-----C--G-----T--A-----G-----T-----A-----G-----RAA	
FR1	9a	95	--A-----A-----T--C-----G-----AACCC-----C-----T-----C-----A-----C-----CT--T	
NE98	10a	97	--AA-----C-----T-----A-----AAA-----TACCAA-----T-----C-----AA--T	
FR14	11a	101	--A--G-----T-----A-----TAAA-----G-----T-----AA-----T-----CA--T	
FR15	11a	105	--A--G-----T-----A-----AAR-----T-----AA-----Y-----T-----CA--T	
FR19	11a		--A--G-----T-----A-----AA-----G-----T-----AA-----T-----CA--T	

Fig. 5K

Isolate	Type	SEQ ID	8182	8231
HCV-1	1a	264	CAGGAACTGCACCATGCTCGTGTGGCGACGACTTAGTCGTTATCTGTGA	
HCV-J	1b	265	-G-----G-----AAC--A-----C-T-----	
BE90	1b	266	-G-----G-----C-G-----C-T-----	
BNL1	1d	53	-G-----G-----C-G-T-----C-T-----	
BNL2	1d	55	-G-----G-----C-A-----C-T-----	
FR17	1d	57	-A-----A-----C-A-----C-T-----	
CAM1078	1e	61	-C-----C-----C-G-----G-----C--	
FR2	1f	63	-T-----T-A-----C-----C-T-----C--	
FR16	1g	67	-G-----A-----A-----A-----C-----T-----G-----T-----C-----CA-----	
HC-J6	2a	267	ATT-CGCC--A-----G-----A-C-----T-----G-----T-----C-----C-----CA-----	
HC-J8	2b	268	GT-----CCTGTT-----T-G-----A-----C-G-----C-----C-----CA-----	
BNL3	2e	69	GT-----C-CC-----G-----C-----T-----C-----T-----C-----CA-----	
FR4	2f	71	GTT-C-CC-----G-----G-----T-----C-----G-----T-----C-----CA-----	
BNL5	2h	73	GTT-CTCC-----G-----G-----T-----TC-G-----A-C-----CA-----	
FR13	2k	77	GTT-CACC-----A-----G-----C-G-----C-----CA-----	
FR18	2l	79	G-C-C-CC-----A-----T-G-A-----C-G-----C-----CA-----	
T1	3a	269	-G-A--CCGGA-T-T-----T-----C-C-----A-T-----TC-G-----AG-GGC-----	
T9	3b	270	A-A--CCAT-TT-----C-----T-----C-C-----A-----T-----G-----G-A-C-----	
PAK64	3g	81	--A--CCAT-AT-C-----T-----C-C-----A-----T-----T-----G-----G-----AG-GGC-----	

Annotated Sheet
Inventor: Maertens et al
SN 08/836,075/Sheet 65 of 74
Atty. Dkt.: 2551-105

65/74

Fig. 5L

Isolate	Type	SEQ ID	8182	8231
GB48	4C	271	AGA-----	T-----C-----G-----T-----C-----G-----C-----GC-----
GB116	4C	272	AGA-----	T-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----C-----TGC-----
GB215	4C	273	AGA-----	T-----G-----C-----A-----T-----C-----G-----C-----TGCC-----
GB358	4C	274	AGA-----	T-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----C-----GC-----
GB809	4e	275	A-----T-----A-----G-----T-----C-----T-----C-----G-----GCC-----	G-----G-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----
GB549	4g	276	A-A-GT-----G-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----	C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----
BNL8	4k	83	AGA-----	G-----T-----C-----T-----G-----C-----T-----G-----C-----GC-----
BNL12	4l	85	A-A-----	G-----C-----C-----T-----G-----C-----C-----C-----GCC-----
EG81	4m	87	A-----T-----A-----G-----T-----C-----G-----C-----G-----GCA-----	C-----G-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----
CHR18	5a	277	-----GC-----C-----G-----T-----T-----T-----TC-----T-----G-----CC-----T-----C-----	T-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----
VN13	7a	89	A-----TTGA-----T-----G-----C-----C-----A-----C-----T-----C-----T-----CG-----	T-----CG-----C-----T-----C-----T-----C-----T-----C-----T-----C-----G-----
VN4	7c	91	A-AA-----ATGA-----T-----A-----C-----C-----A-----TC-----C-----GCG-----	C-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----GCG-----
VN12	7d	93	A-AA-----TTGA-----T-----G-----C-----C-----A-----C-----C-----TGC-----	C-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----TGC-----
FR1	9a	95	ACA-----T-----ATGA-----T-----G-----C-----C-----A-----T-----G-----T-----CG-----AAC-----	C-----A-----C-----A-----C-----A-----T-----G-----T-----G-----T-----CG-----AAC-----
NE98	10a	97	A-AA-----TCCAT-----AT-----C-----T-----C-----C-----A-----T-----G-----G-----TGC-----	C-----A-----T-----C-----C-----A-----T-----G-----G-----G-----TGC-----
FR14	11a	99	GTA-----CCGGTG-----C-----T-----C-----G-----C-----CA-----	T-----C-----G-----C-----CA-----
FR15	11a	101	GTT-----CCGGTG-----C-----C-----C-----G-----C-----CA-----	C-----G-----C-----CA-----
FR19	11a	105	GTT-----CCAGTG-----C-----C-----C-----G-----C-----CA-----	C-----G-----C-----CA-----

Annotated Sheet
 Inventor: Maertens et al
 SN 08/836,075/Sheet 66 of 74
 Atty. Dkt.: 2551-105

66/74

Fig. 5M

Annotated Sheet
 Inventor: Maertens et al
 SN 08/636,075/Sheet 67 of 74
 Atty. Dkt.: 2551-105

67/74

Isolate	Type	SEQ	ID	8232	8271
HCV-1	1a	264		AAGCCGGGGGTCAAGGAGGAACGGGGAGCCCTGAGAGCC	
HCV-J	1b	265	G--T-----AAC-----T-----GC-----AC-----		
BE90	1b	266	-----AAC-----A-----AC-----T-----		
BNL1	1d	53	G--T-----A-----G-----A-----AC-----T-----		
BNL2	1d	55	G-----A-----G-----A-----AC-----T-----		
FR17	1d	57	G--T-----R-----A-----G-----T-----A-----AC-----T-----		
CAM1078	1e	61	G--T-----TA-----AC-----T-----A-----C-----		
FR2	1f	63	G--T-----A-----N-----N-----TC-----T-----		
FR16	1g	67	G--T-----CA-----AC-----G-----A-----CG-----A-----		
HC-J6	2a	267	G-----CAA-----TAA-----G-----A-----CGA-----A-----		
HC-J8	2b	268	G-----TCA-----A-----G-----ACCG-----A-----		
BNL3	2e	69	G-----TCA-----A-----G-----ACCG-----A-----		
FR4	2f	71	G-----TCA-----CTG-----A-----CGA-----A-----T-----		
BNL5	2h	73	G-----TCA-----AAC-----G-----T-----A-----CG-----A-----T-----		
FR13	2k	77	G-----TCA-----ACTG-----AG-----A-----AAC-----A-----C-----T-----		
FR18	2l	79	G-----TCA-----AC-----G-----A-----CGA-----AT-----T-----		
T1	3a	269	G-----AT-----C-----G-----T-----TAGA-----AGC-----		
T9	3b	270	-----TGC-----C-----G-----AGA-----AGCT-----C-----		
PAK64	3g	81	G-----TTGC-----KC-----TG-----G-----ATAG-----GCAGC		

Fig. 5N

Isolate	Type	SEQ ID	8232	8271
GB48	4c	271	G---AT---C---AG	AAACGACC---CG---
GB116	4c	272	G---AT---C---AG	AAACGAGC---CG---
GB215	4c	273	G---AT---C---AG	AAACGAGC---CG---
GB358	4c	274	G---AT---C---TG	AAACGAGC---CG---
GB809	4e	275	G---GT---C---TG	AAACGAGC---CG---
GB549	4g	276	G---GC---C---AG	T---AAGAGC---CC---
BNL8	4k	83	G---AT---C---AG	TAACCGAGC---CCN---
BNL12	4l	85	G---A---C---AG	TT-CCAACC---CC-
EG81	4m	87	G---AT---C---GG	CGCCGAGC---CCA-T
CHR18	5a	277	G---CA---ACG---C	TAAA-----
VN13	7a	89	G---TGT-----TC	A-TAGTGCA---C---T
VN4	7c	91	G---T-GA---A	T-TT-ACGC---C---A
VN12	7d	93	G---GA---A	CT-----C---T-
FR1	9a	95	G---T---T---A---A-C	TATC---T-A---C---
NE98	10a	97	G---T---A---A---G-T	AA-AGGGC-T---T
FR14	11a	99	G---AA-----GG	CA-CG-GA---AC---T-
FR15	11a	101	G---AA-----AG	CA-CGAGA---AC
FR19	11a	105	G---AA-----GG	CAACGAGA---AC---NT-

Annotated Sheet
Inventor: Maertens et al
SN 08/836,075/Sheet 68 of 74
Atty. Dkt.: 2551-105

68/74

Fig. 6A NS5B amino acid alignment

Isolate	Type	SEQ ID	2645	2694
HCV-1	1a	278	STVITESDIRTEEAIVQCCDLDPQARVAIKSLITERLYVGGPLTNSRGENG	
HCV-J	1b	279	-N-----S-----A-E-Q-R-----K-Q-----	
2TY4	1c	280	-N-----S-----H-D-A---N-----K-----	
BNL1	1d	54	-N-----V---S-----A-E-K-----I-X-----K-Q-----	
BNL2	1d	56	-N-----X-----AXE-K-----K-Q-----	
PR17	1d	58	-N-----V---S-----A-E-K-----I-----K-Q-----	
CA1M1078	1e	62	-A-----S-----H-E-----K-----I-----K-Q-----	
PR2	1f	64	-S-----E-----K-----R-----I-----K-Q-----	
PR16	1g	68	XX-----V-XS-----A-E-----K-Q-----	
HC-J6	2a	281	-----R-----S-----RA-S-PEE-HT-----MF-----K-QT-----	
HC-J8	2b	282	-----R-----S-----A-S-POE---TV-H-----M-----K-QS-----	
ARG8	2c	283	-----S-----S-PEE---T-H-----M-----K-QS-----	
NE92	2d	284	-----R-----S-----LA-S-PE---T-H-----ML-----K-QT-----	
BNL3	2e	70	-----R-----X-----S-----A-S-PE---T-H-----MM-----K-QS-----	
FR4	2f	72	-----R-----S-----LA-S-PE---T-H-----MM-----K-QS-----	
BNL5	2h	74	-----A-R-----S-----LA-S-PE---T-H-----MM-----K-QS-----	
FR13	2k	78	-----R-----V-----SV-LS-S-PEE---A-H-----MO-----K-QS-----	
FR18	2l	80	-----R-----N-----S-FLA-S-PEE---TV-H-----I-----MM-----K-QS-----	
BR34	3a	285	-----C-----MF-----K-AQ-----C-----MF-----K-AQ-----	
BR36	3a	286	-----C-----MF-----K-AQ-----C-----MF-----K-AQ-----	
BR33	3a	287	-----H-----E-----E-----K-----SA-----I-----MY-----K-LQ-----	
T9	3b	288	-----Q-----V-----E-----E-----R-----MF-----K-LK-----	
PAK64	3g	82		

Annotated Sheet
 Inventor: Maertens et al
 SN 08/836,075/Sheet 69 of 74
 Atty. Dkt.: 2551-105

69/74

Fig. 6B

Annotated Sheet
Inventor: Maertens et al
SN 08/836,075/Sheet 70 of 74
Atty. Dkt.: 2551-105

70/74

GB48	289	-----K---V--EV-----E-E--K---TA-----MH--K-DL--
GB116	290	-----K---V--EV-----E-E--R---TA-----MH--DL--
GB215	291	-----K---V--EV-----E-E--KV-TA-----MH--K-DL--
GB358	292	-----K---V--EV-----E-E--KV-TA-----MH--K-DL--
GB809	293	-----R--KV--EV-----E-E--KV-AA-----MH--K-DL--
CAMG22	294	-----R--V--EV-----E-ET-KV-SA-----MH--DL--
GB549	295	-----R--E-----E-E--KV-SA-----MY--K-DL--
GB438	296	-----R--V--E-----E-E--KV-SA-----K--MY--K-DL--
CAR4/12054.i	297	P---R-X-V--EV-----N-EXDX-KV-NA-----MH--K-DL--
CAR1/501 4.j	298	---X-R-----GEV-----E-E--KV-TA-----MF--K-DL--
EG13	299	V---N-E-E--KV-TA-----MH--K-DL--
BNL8	304	K---P--EV-----E-E--KV-TA-----MH--K-DL--
BNL12	311	-----K---V--E-----X-E--K--SA-----X--L--MY--K--L--
EG81	318	-----R--EV-----E-E--K--SA-----MF--K-DL--
BE95	300	-----H--M---S---S---Q-E--A--R-----Q--C--MY--K-QQ--
CHR18	301	-----H--M---S---SLY-Q-E-----R---Q--C--MY--K-QQ--
VN13	307	-----R-VQ--HD-----K-E-A--T-----D--X--MX--K-QA--
VN4	7c	-----R--X--HD-----Q--V--K-----T-----CX--MM--QS--
VN12	7d	S---R-----HD-----Q--V--K-----T-----C-----MY--QS--
FR1	9a	-----GR-----XD--LS-Q--E--K-----MY--K-QL--
NE98	9b	-----Q---V-LS-F-A--KDE--RV-T-----C--MF--K-QH--
FR14	11a	-----R-----S--LS-Q--PEE--K-----ME--K-QA--
FR15	11a	-----R-----S--XXA-Q--PEE--K-----ME--K-QA--
FR19	11a	-----R-----SX-LA-Q--PEE--K-----ME--K-QA--
	106	

Fig. 6C

Isolate	Type	SEQ	ID	2695	2744
HCV-1	1a	278		YRRCRASGVLTTCGNTLTCYIKARAACRAAGLQDCTMLVCDDLWVICE	
HCV-J	1b	279		-----L-----T-----K-----N-----	
2TY4	1c	280		-----L-----R-----	
BNL1	1d	54		-----L-----K-----R-----	
BNL2	1d	56		-----L-----K-----	
FR17	1d	58		-----L-----K-----	
CAM1078	1e	62		-----L-----K-----	
FR2	1f	64		-----L-----K-----S-----	
FR16	1g	68		-----L-----A-----K-----RE-----	
HC-J6	2a	281		-----M-----I-----V-----L-----K-----IIAP-----S-----	
HC-J8	2b	282		-----F-----M-----M-----L-----K-----IV-----PV-----S-----	
ARG8	2c	283		-----A-----M-----V-----N-----IVAP-----	
NE92	2d	284		-----F-----M-----I-----V-----Q-----K-----IIAP-----S-----	
BNL3	2e	70		-----M-----I-----V-----L-----K-----IVAP-----S-----	
FR4	2f	72		-----M-----I-----V-----L-----K-----IVAP-----S-----	
BNL5	2h	74		-----M-----I-----V-----L-----K-----IVAP-----I-----S-----	
FR13	2k	78		-----M-----I-----L-----Q-----IVAP-----S-----	
FR18	2l	80		-----F-----M-----I-----V-----M-----IDAP-----S-----	
BR34	3a	285		-----P-----F-----I-----T-----A-----RNPDF-----VA-----	
BR36	3a	286		-----P-----F-----I-----T-----AK-----RSPDF-----VA-----	
BR33	3a	287		-----P-----F-----I-----T-----AK-----RNPDF-----VA-----	
T9	3b	288		-----P-----F-----I-----K-----PSF-----VS-----	
PAK64	3g	82		-----P-----Y-----I-----A-----PSF-----VA-----	

Annotated Sheet
 Inventor: Maertens et al
 SN 08/836,075/Sheet 71 of 74
 Atty. Dkt.: 2551-105

71/74

Fig. 6D

GB48	4c	289	-----	y-----f-----l-----s-----ik-----r-----a-----
GB116	4c	290	-----	y-----f-----l-----s-----i-----r-----a-----
GB215	4c	291	-----	y-----f-----l-----s-----i-----s-----r-----y-----a-----
GB358	4c	292	-----	y-----f-----l-----s-----i-----s-----r-----a-----
GB809	4e	293	-----	y-----f-----m-----l-----s-----i-----k-----a-----
CAMG22	4f	294	-----	y-----f-----fl-----t-----tk-----k-----a-----
GB549	4g	295	Q-----	y-----f-----v-----l-----v-----t-----kg-----s-----
GB438	4h	296	L-----	y-----f-----v-----l-----t-----t-----k-----a-----
CAR4/12054i	297	I-----	y-----f-----l-----t-----t-----k-----a-----	
CAR1/5014j	298	Q-----	y-----f-----l-----t-----t-----k-----s-----	
EG13	4?	299	-----	f-----f-----l-----t-----i-----r-----a-----
BNL8	4k	84	-----	y-----f-----l-----s-----i-----r-----a-----
BNL12	4l	86	-----	y-----f-----v-----l-----t-----t-----k-----a-----
EG81	4m	88	-----	y-----f-----l-----t-----t-----k-----a-----
BE95	5a	300	-----	f-----m-----m-----l-----s-----r-----r-----l-----a-----
CHR18	5a	301	-----	f-----m-----m-----l-----s-----k-----fd-----s-----a-----
VN13	7a	90	-----	ila-----l-----o-----k-----nyd-----a-----
VN4	7c	92	-----	l-----q-----k-----knfd-----a-----
VN12	7d	94	-----	f-----l-----m-----l-----q-----xk-----knfd-----a-----
FR1	9a	96	Q-----	p-----m-----i-----fl-----t-----ft-----yd-----vt-----
NE98	10a	98	-----	p-----f-----i-----k-----tk-----iknpsf-----a-----
FR14	11a	100	-----	f-----l-----m-----k-----iv-----pv-----s-----
FR15	11a	102	-----	f-----l-----m-----x-----kx-----iv-----pv-----s-----
FR19	11a	106	-----	f-----l-----m-----k-----iv-----pv-----s-----

Fig. 6E

Isolate	Type	SEQ ID	2745	2757
HCV-1	1a	278	SAGVQEDAASLR	
HCV-J	1b	279	--T-----A---	
BE90	1b	302	--T-----V	
BNL1	1d	54	--E---N---	
BNL2	1d	56	--E---N---V	
FR17	1d	58	-X---E---N---V	
CAM1078	1e	62	-V-T-----	
FR2	1f	64	IE-XX--PS	
FR16	1g	68	-----	
HC-J6	2a	281	-Q-TE--ERN---	
HC-J8	2b	282	-Q-NB--ERN---	
NE92	2d	284	-Q-TE--ERN---	
BNL3	2e	70	-Q--E--DRN-	
FR4	2f	72	-Q-AE--ERN--V	
BNL5	2h	74	-Q-TE--ERN--V	
FR13	2k	78	-Q-TER-ENN--P	
FR18	2l	80	-Q-TE--ERN--V	
BR34	3a	285	-	
BR36	3a	286	-	
BR33	3a	287	-	
T9	3b	288	-C--E--R-A---	
PAK64	3g	82	-CX-D-EDRAALR	

Annotated Sheet
Inventor: Maertens et al
SN 08/836,075/Sheet 73 of 74
Atty. Dkt.: 2551-105

Fig. 6F

Annotated Sheet
Inventor: Maertens et al
SN 08/836,075/Sheet 74 of 74
Atty. Dkt.: 2551-105

74/74

GB48	4c	289	-D--E--KRP-G-
GB116	4c	290	-D--E--KRA-G-
GB215	4c	291	-D--E--KRA-GV
GB358	4c	292	-D--E--KRA-G-
GBB809	4e	293	-G--E--KRX-G-
CAMG22	4f	294	-D--E--RRA-G-
GB549	4g	295	-G--E--RA--
GE438	4h	296	-G--E--RA--
CPR4/12054i		297	-I-ID--KQA--T
CPR1/501 4j		298	----E--PXTX-P
BNL8	4k	84	-D--E--NRA-X-
BNL12	4l	86	-E--E--SQP--
EG81	4m	88	-D--D--RRA-Q-
BE95	5a	300	-Q-TH--E----
CHR18	5a	301	-Q-TH--K----
VN13	7a	90	-L--S--TSA--
VN4	7c	92	-G--S--VDA--
VN12	7d	94	-G--P--GA--V
FR1	9a	96	----N--I-N--
NE98	10a	98	----ID--KSA--
FR14	11a	100	-K--E--ORD--V
FR15	11a	102	-K--E--ORD--
FR19	11a	106	-K--E--ORD--

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- BLACK BORDERS**
- IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- FADED TEXT OR DRAWING**
- BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- SKEWED/SLANTED IMAGES**
- COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- GRAY SCALE DOCUMENTS**
- LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.